```
 SCORE Search Results Details for Application
  10663433 and Search Result us-10-663-433-
                    1.rng.
```

This page gives you Search Results detail for the Application 10663433 and Search Result us-10-663-433-1.rng.

start

```
                    GenCore version 5.1.9
           Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:          August 15, 2006, 00:46:44 ; Search time 3886 Seconds
                                             (without alignments)
                                             12519.905 Million cell updates/sec

Title:           US-10-663-433-1
Perfect score:   6978
Sequence:        1 atgaagaaaggttctcaaca.........agaatgcctcagccagatga 6978

Scoring table:   IDENTITY_NUC
                 Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:        5244920 seqs, 3486124231 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      10489840

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       N_Geneseq_8:*
                 1:   geneseqn1980s:*
                 2:   geneseqn1990s:*
                 3:   geneseqn2000s:*
                 4:   geneseqn2001as:*
                 5:   geneseqn2001bs:*
                 6:   geneseqn2002as:*
                 7:   geneseqn2002bs:*
                 8:   geneseqn2003as:*
                 9:   geneseqn2003bs:*
                 10:  geneseqn2003cs:*
                 11:  geneseqn2003ds:*
                 12:  geneseqn2004as:*
                 13:  geneseqn2004bs:*
                 14:  geneseqn2005s:*
                 15:  geneseqn2006s:*
```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	6978	100.0	6978	12	ADM06774	Adm06774 Human cen
2	6978	100.0	7433	12	ADQ18630	Adq18630 Human sof
3	6681.2	95.7	7222	8	ACC47248	Acc47248 Human SCA
4	5466.8	78.3	8452	4	AAS59864	Aas59864 Human nov
5	5466.8	78.3	8452	14	AED08238	Aed08238 Human CP1
6	5302.8	76.0	6075	10	ADC30206	Adc30206 Human nov
7	5300.8	76.0	6244	12	ADQ23084	Adq23084 Human sof
8	5034.8	72.2	5902	8	AAL51566	Aal51566 Human nuc
9	3597.4	51.6	3602	13	ADR07863	Adr07863 Full leng
10	3008.6	43.1	3893	15	AEF74782	Aef74782 Human pol
11	2873.6	41.2	3044	11	ADM03364	Adm03364 Human cDN
12	2873.6	41.2	3044	14	AEC86294	Aec86294 Human cDN
13	2403.2	34.4	2631	10	ADB61898	Adb61898 Human cDN
14	1332.8	19.1	1888	4	AAS59821	Aas59821 Human nov
15	1332.8	19.1	1888	14	AED08152	Aed08152 Human CP1
16	922.2	13.2	3048	5	AAS68823	Aas68823 DNA encod
17	912.8	13.1	916	4	AAH99352	Aah99352 Human pro
18	912.8	13.1	916	10	ADC32112	Adc32112 Human nov
19	707.2	10.1	791	2	AAX39736	Aax39736 Gastric c
20	531.8	7.6	667	3	AAA02588	Aaa02588 Human col
21	461.4	6.6	514	2	AAV86265	Aav86265 EST clone
c 22	434.4	6.2	459	4	AAI88234	Aai88234 Human pol
23	427.8	6.1	499	3	AAC79291	Aac79291 Human lun
24	427.8	6.1	499	4	AAD23367	Aad23367 Human lun
25	427.8	6.1	499	10	ADD66641	Add66641 Human lun
26	427.8	6.1	499	10	ADE87895	Ade87895 Human lun
27	373.4	5.4	375	2	AAV36486	Aav36486 Partial n
28	360	5.2	360	5	AAS69956	Aas69956 DNA encod
29	323.4	4.6	442	3	AAC02606	Aac02606 Human sec
30	318.6	4.6	563	12	ACH67011	Ach67011 Human gen
31	316.6	4.5	389	12	ACH80718	Ach80718 Human gen
32	315	4.5	315	2	AAV36481	Aav36481 Partial n
33	314.6	4.5	330	2	AAV36483	Aav36483 Partial n
34	302.6	4.3	784	2	AAZ15475	Aaz15475 Human gen
35	302.6	4.3	784	2	AAX98816	Aax98816 Human val
36	300	4.3	300	2	AAZ14049	Aaz14049 Human gen
37	300	4.3	300	2	AAX98521	Aax98521 Human can
38	284.6	4.1	300	3	AAA01354	Aaa01354 Human col
39	270.8	3.9	541	12	ACH68371	Ach68371 Human gen
40	267	3.8	267	12	ACH82072	Ach82072 Human gen
c 41	261.4	3.7	263	8	ABZ19050	Abz19050 Group III
42	259	3.7	259	6	ABS51581	Abs51581 Human cDN
43	254.8	3.7	295	3	AAA41337	Aaa41337 Human sec
44	229.6	3.3	547	12	ACH68324	Ach68324 Human gen
45	228	3.3	228	2	AAV36487	Aav36487 Partial n

ALIGNMENTS

RESULT 1
ADM06774

```
ID    ADM06774 standard; cDNA; 6978 BP.
XX
AC    ADM06774;
XX
DT    17-JUN-2004   (first entry)
XX
DE    Human centriolin cDNA, SEQ ID NO:1.
XX
KW    Human; centriolin; centrosome component; cytokinesis; S phase entry;
KW    cell cycle; cell division; cell proliferative disorder; cancer;
KW    leukaemia; psoriasis; Hodgkin's disease; lymphoma; myelofibrosis;
KW    polycythemia vera; cytostatic; antipsoriatic; antisense gene therapy;
KW    chromosome 9q34.11-34.13; gene; ss.
XX
OS    Homo sapiens.
XX
FH    Key              Location/Qualifiers
FT    CDS              1. .6978
FT                     /*tag= a
FT                     /product= "Centriolin"
XX
PN    WO2004024887-A2.
XX
PD    25-MAR-2004.
XX
PF    15-SEP-2003; 2003WO-US028985.
XX
PR    13-SEP-2002; 2002US-0410520P.
XX
PA    (UYMA-) UNIV MASSACHUSETTS.
XX
PI    Doxsey SJ;
XX
DR    WPI; 2004-329475/30.
DR    P-PSDB; ADM06775.
DR    GENBANK; AF513978.
XX
PT    New centrosome nucleic acid molecules, useful for treating cancer,
PT    leukemia, psoriasis, Hodgkin's disease, lymphoma, myelofibrosis,
PT    polycythemia vera, or another cell proliferative disorder.
XX
PS    Claim 1; SEQ ID NO 1; 107pp; English.
XX
CC    The invention relates to human centriolin (ADM06775) and nucleic acids
CC    encoding it (ADM06774). Centriolin and pericentrin-B are both core
CC    centrosome components required for progression through cytokinesis and
CC    entry into the S phase of the cell cycle. The invention also relates to a
CC    method of reducing cell division by administering to a cell a centriolin
CC    or pericentrin-B modulator (particularly a RNAi (interfering RNA), siRNA
CC    (short interfering RNA), antisense nucleic acid, ribozyme or antibody)
CC    effective to disrupt microtubule organisation; and a method of treating
CC    abnormal centrosome function in a cell by administering to the cell an
CC    amount of centriolin or pericentrin-B effective to restore normal
CC    centrosome function. The nucleic acid molecules and methods are useful
CC    for treating cancer, leukaemia, psoriasis, Hodgkin's disease, lymphoma,
CC    myelofibrosis, polycythemia vera, or other cell proliferative disorders.
CC    The present sequence represents cDNA encoding human centriolin.
XX
SQ    Sequence 6978 BP; 2552 A; 1330 C; 1672 G; 1424 T; 0 U; 0 Other;

      Query Match              100.0%;  Score 6978;  DB 12;  Length 6978;
```

```
     Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
     Matches 6978;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 60
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 60

Qy     61 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 120

Qy    121 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 180

Qy    181 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 240

Qy    241 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 300

Qy    301 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 360

Qy    361 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 420

Qy    421 GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC 480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC 480

Qy    481 AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA 540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA 540

Qy    541 ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG 600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG 600

Qy    601 AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACCGCTTCAAGATTTG 660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACCGCTTCAAGATTTG 660

Qy    661 ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC 720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC 720

Qy    721 ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA 780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA 780

Qy    781 CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA 840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA 840

Qy    841 AAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT 900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    841  AAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT  900

Qy    901  AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC  960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901  AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC  960

Qy    961  TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA  1020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db    961  TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA  1020

Qy   1021  GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA  1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021  GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA  1080

Qy   1081  ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA  1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081  ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA  1140

Qy   1141  GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA  1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141  GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA  1200

Qy   1201  GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA  1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201  GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA  1260

Qy   1261  CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA  1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261  CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA  1320

Qy   1321  GACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATA  1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321  GACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATA  1380

Qy   1381  GAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCT  1440
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db   1381  GAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCT  1440

Qy   1441  ATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGT  1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441  ATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGT  1500

Qy   1501  AGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAA  1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501  AGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAA  1560

Qy   1561  AAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATA  1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561  AAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATA  1620

Qy   1621  GATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAA  1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621  GATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAA  1680

Qy   1681  GAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAG  1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681  GAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAG  1740

Qy   1741  ATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACT  1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741  ATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACT  1800
```

```
Qy   1801  GAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGG  1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801  GAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGG  1860

Qy   1861  TTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGG  1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861  TTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGG  1920

Qy   1921  AAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGA  1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921  AAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGA  1980

Qy   1981  GACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTA  2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981  GACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTA  2040

Qy   2041  GAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGAT  2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041  GAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGAT  2100

Qy   2101  CTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAAC  2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101  CTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAAC  2160

Qy   2161  CAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTT  2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161  CAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTT  2220

Qy   2221  CAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTC  2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221  CAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTC  2280

Qy   2281  TCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGAT  2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281  TCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGAT  2340

Qy   2341  GACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTT  2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341  GACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTT  2400

Qy   2401  GATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTG  2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401  GATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTG  2460

Qy   2461  AAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTT  2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461  AAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTT  2520

Qy   2521  GCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAA  2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521  GCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAA  2580

Qy   2581  GCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCA  2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581  GCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCA  2640

Qy   2641  ACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTT  2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641  ACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTT  2700
```

```
Qy   2701  GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA  2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701  GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA  2760

Qy   2761  GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT  2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761  GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT  2820

Qy   2821  GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT  2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821  GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT  2880

Qy   2881  GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG  2940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881  GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG  2940

Qy   2941  AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG  3000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941  AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG  3000

Qy   3001  CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG  3060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001  CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG  3060

Qy   3061  GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA  3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061  GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA  3120

Qy   3121  GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG  3180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121  GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG  3180

Qy   3181  ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG  3240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181  ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG  3240

Qy   3241  AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC  3300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241  AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC  3300

Qy   3301  ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA  3360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301  ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA  3360

Qy   3361  CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA  3420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361  CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA  3420

Qy   3421  GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG  3480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421  GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG  3480

Qy   3481  GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA  3540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481  GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA  3540

Qy   3541  CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG  3600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541  CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG  3600

Qy   3601  GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT  3660
```

```
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601   GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 3660

Qy   3661   GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3720
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661   GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3720

Qy   3721   CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3780
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721   CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3780

Qy   3781   GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3840
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781   GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3840

Qy   3841   GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 3900
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841   GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 3900

Qy   3901   TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 3960
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901   TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 3960

Qy   3961   TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4020
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961   TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4020

Qy   4021   GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4080
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021   GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4080

Qy   4081   CATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTA 4140
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081   CATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTA 4140

Qy   4141   CATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGT 4200
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141   CATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGT 4200

Qy   4201   CTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAA 4260
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201   CTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAA 4260

Qy   4261   ATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGA 4320
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261   ATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGA 4320

Qy   4321   CTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTT 4380
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321   CTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTT 4380

Qy   4381   GAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTA 4440
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381   GAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTA 4440

Qy   4441   GAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCG 4500
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441   GAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCG 4500

Qy   4501   CTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAA 4560
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    4501 CTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAA 4560

Qy    4561 GAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAG 4620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4561 GAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAG 4620

Qy    4621 GAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAAT 4680
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4621 GAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAAT 4680

Qy    4681 GAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCC 4740
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4681 GAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCC 4740

Qy    4741 GAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGAC 4800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4741 GAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGAC 4800

Qy    4801 AGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCA 4860
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4801 AGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCA 4860

Qy    4861 AAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAAT 4920
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4861 AAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAAT 4920

Qy    4921 CACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAAT 4980
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4921 CACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAAT 4980

Qy    4981 GTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAG 5040
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4981 GTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAG 5040

Qy    5041 GAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAAT 5100
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5041 GAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAAT 5100

Qy    5101 ATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGAC 5160
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5101 ATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGAC 5160

Qy    5161 CAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTA 5220
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5161 CAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTA 5220

Qy    5221 GAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTC 5280
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5221 GAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTC 5280

Qy    5281 CTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCG 5340
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5281 CTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCG 5340

Qy    5341 TGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAA 5400
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5341 TGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAA 5400

Qy    5401 AAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAG 5460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5401 AAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAG 5460
```

```
Qy   5461 CAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAA 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 CAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAA 5520

Qy   5521 CTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAA 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 CTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAA 5580

Qy   5581 GAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTG 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 GAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTG 5640

Qy   5641 AACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 AACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAG 5700

Qy   5701 CAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAA 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 CAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAA 5760

Qy   5761 GAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 GAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAG 5820

Qy   5821 CTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAA 5880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAA 5880

Qy   5881 GAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAG 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAG 5940

Qy   5941 GAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAA 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 GAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAA 6000

Qy   6001 GAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTC 6060

Qy   6061 TCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAG 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAG 6120

Qy   6121 CTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAAC 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 CTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAAC 6180

Qy   6181 CAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTT 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 CAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTT 6240

Qy   6241 AAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGC 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGC 6300

Qy   6301 ATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGG 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 ATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGG 6360
```

```
Qy    6361 CGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATG 6420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6361 CGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATG 6420

Qy    6421 GCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTT 6480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6421 GCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTT 6480

Qy    6481 AAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCA 6540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6481 AAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCA 6540

Qy    6541 GAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTG 6600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6541 GAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTG 6600

Qy    6601 GAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTG 6660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6601 GAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTG 6660

Qy    6661 AACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAA 6720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6661 AACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAA 6720

Qy    6721 CTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCA 6780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6721 CTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCA 6780

Qy    6781 GAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAA 6840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6781 GAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAA 6840

Qy    6841 GTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGT 6900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6841 GTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGT 6900

Qy    6901 CTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAG 6960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6901 CTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAG 6960

Qy    6961 AATGCCTCAGCCAGATGA 6978
           ||||||||||||||||||
Db    6961 AATGCCTCAGCCAGATGA 6978
```

RESULT 2
ADQ18630
```
ID   ADQ18630 standard; DNA; 7433 BP.
XX
AC   ADQ18630;
XX
DT   26-AUG-2004  (first entry)
XX
DE   Human soft tissue sarcoma-upregulated DNA - SEQ ID 1449.
XX
KW   soft tissue sarcoma; cytostatic; gene therapy; vaccine; screening; human;
KW   ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2004048938-A2.
```

```
XX
PD    10-JUN-2004.
XX
PF    26-NOV-2003; 2003WO-US038193.
XX
PR    26-NOV-2002; 2002US-0429739P.
XX
PA    (PROT-) PROTEIN DESIGN LABS INC.
XX
PI    Aziz N, Ginsburg WM, Zlotnik A;
XX
DR    WPI; 2004-441208/41.
XX
PT    Early detection of soft tissue sarcoma comprises determining expression
PT    of a gene in a first soft tissue sample and a normal soft tissue sample
PT    and comparing the gene expression, also useful in treating soft tissue
PT    sarcoma.
XX
PS    Example 2; SEQ ID NO 1449; 210pp; English.
XX
CC    The invention relates to a novel method for detecting soft tissue sarcoma
CC    which comprises obtaining a first soft tissue sample from an individual
CC    and a normal soft tissue sample from the same or different individual,
CC    determining the expression of a gene in both samples and comparing the
CC    expression of the gene in both soft tissue samples, where a higher level
CC    of protein expression in the first soft tissue sample indicates the
CC    presence of soft tissue sarcoma. The method of the invention has
CC    cytostatic applications and may be useful for detecting soft tissue
CC    sarcoma, possibly via gene therapy or vaccine production. The nucleic
CC    acid sequences may be useful in diagnostic and screening applications.
CC    The current sequence is that of a human soft tissue sarcoma-upregulated
CC    DNA of the invention. The current sequence is not shown within the
CC    specification per se but was submitted in CD format by the inventor.
XX
SQ    Sequence 7433 BP; 2702 A; 1402 C; 1739 G; 1590 T; 0 U; 0 Other;

   Query Match              100.0%;  Score 6978;  DB 12;  Length 7433;
   Best Local Similarity    100.0%;  Pred. No. 0;
   Matches 6978;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        1 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 60
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       32 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 91

Qy       61 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       92 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 151

Qy      121 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      152 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 211

Qy      181 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      212 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 271

Qy      241 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 300
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      272 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 331

Qy      301 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 360
```

```
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     332  AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT  391

Qy     361  TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT  420
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     392  TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT  451

Qy     421  GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC  480
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     452  GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC  511

Qy     481  AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA  540
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     512  AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA  571

Qy     541  ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG  600
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     572  ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG  631

Qy     601  AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACCGCTTCAAGATTTG  660
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     632  AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACCGCTTCAAGATTTG  691

Qy     661  ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC  720
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     692  ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC  751

Qy     721  ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA  780
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     752  ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA  811

Qy     781  CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA  840
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     812  CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA  871

Qy     841  AAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT  900
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     872  AAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT  931

Qy     901  AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC  960
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     932  AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC  991

Qy     961  TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA  1020
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db     992  TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA  1051

Qy    1021  GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA  1080
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db    1052  GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA  1111

Qy    1081  ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA  1140
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db    1112  ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA  1171

Qy    1141  GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA  1200
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
Db    1172  GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA  1231

Qy    1201  GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA  1260
                IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII
```

```
Db   1232 GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA 1291

Qy   1261 CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1292 CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA 1351

Qy   1321 GACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATA 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1352 GACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATA 1411

Qy   1381 GAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCT 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1412 GAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCT 1471

Qy   1441 ATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1472 ATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGT 1531

Qy   1501 AGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAA 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1532 AGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAA 1591

Qy   1561 AAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATA 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1592 AAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATA 1651

Qy   1621 GATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAA 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1652 GATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAA 1711

Qy   1681 GAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAG 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1712 GAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAG 1771

Qy   1741 ATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACT 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1772 ATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACT 1831

Qy   1801 GAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGG 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1832 GAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGG 1891

Qy   1861 TTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1892 TTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGG 1951

Qy   1921 AAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGA 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db·  1952 AAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGA 2011

Qy   1981 GACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2012 GACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTA 2071

Qy   2041 GAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGAT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2072 GAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGAT 2131

Qy   2101 CTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAAC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2132 CTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAAC 2191
```

```
Qy   2161 CAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTT 2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2192 CAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTT 2251

Qy   2221 CAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTC 2280
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2252 CAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTC 2311

Qy   2281 TCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGAT 2340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2312 TCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGAT 2371

Qy   2341 GACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTT 2400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2372 GACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTT 2431

Qy   2401 GATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAACTG 2460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2432 GATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAACTG 2491

Qy   2461 AAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTT 2520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2492 AAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTT 2551

Qy   2521 GCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAA 2580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2552 GCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAA 2611

Qy   2581 GCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCA 2640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2612 GCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCA 2671

Qy   2641 ACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTT 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2672 ACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTT 2731

Qy   2701 GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA 2760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2732 GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA 2791

Qy   2761 GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT 2820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2792 GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT 2851

Qy   2821 GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT 2880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2852 GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT 2911

Qy   2881 GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG 2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2912 GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG 2971

Qy   2941 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 3000
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2972 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 3031

Qy   3001 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 3060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3032 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 3091
```

```
Qy    3061 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3092 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 3151

Qy    3121 GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 3180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3152 GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 3211

Qy    3181 ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 3240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3212 ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 3271

Qy    3241 AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 3300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3272 AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 3331

Qy    3301 ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 3360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3332 ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 3391

Qy    3361 CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 3420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3392 CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 3451

Qy    3421 GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 3480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3452 GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 3511

Qy    3481 GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 3540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3512 GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 3571

Qy    3541 CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 3600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3572 CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 3631

Qy    3601 GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 3660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3632 GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 3691

Qy    3661 GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3692 GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3751

Qy    3721 CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3752 CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3811

Qy    3781 GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3812 GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3871

Qy    3841 GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 3900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3872 GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 3931

Qy    3901 TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 3960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3932 TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 3991

Qy    3961 TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4020
```

```
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3992   TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4051

Qy    4021   GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4080
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4052   GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4111

Qy    4081   CATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTA 4140
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4112   CATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTA 4171

Qy    4141   CATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGT 4200
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4172   CATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGT 4231

Qy    4201   CTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAA 4260
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4232   CTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAA 4291

Qy    4261   ATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGA 4320
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4292   ATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGA 4351

Qy    4321   CTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTT 4380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4352   CTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTT 4411

Qy    4381   GAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTA 4440
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4412   GAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTA 4471

Qy    4441   GAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCG 4500
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4472   GAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCG 4531

Qy    4501   CTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAA 4560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4532   CTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAA 4591

Qy    4561   GAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAG 4620
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4592   GAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAG 4651

Qy    4621   GAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAAT 4680
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4652   GAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAAT 4711

Qy    4681   GAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCC 4740
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4712   GAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCC 4771

Qy    4741   GAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGAC 4800
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4772   GAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGAC 4831

Qy    4801   AGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCA 4860
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4832   AGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCA 4891

Qy    4861   AAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAAT 4920
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   4892 AAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAAT 4951

Qy   4921 CACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAAT 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4952 CACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAAT 5011

Qy   4981 GTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAGAG 5040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5012 GTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAGAG 5071

Qy   5041 GAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAAT 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5072 GAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAAT 5131

Qy   5101 ATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGAC 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5132 ATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGAC 5191

Qy   5161 CAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTA 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5192 CAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTA 5251

Qy   5221 GAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5252 GAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTC 5311

Qy   5281 CTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCG 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5312 CTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCG 5371

Qy   5341 TGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAA 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5372 TGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAA 5431

Qy   5401 AAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAG 5460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5432 AAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAG 5491

Qy   5461 CAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAA 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5492 CAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAA 5551

Qy   5521 CTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAA 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5552 CTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAA 5611

Qy   5581 GAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTG 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5612 GAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTG 5671

Qy   5641 AACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5672 AACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAG 5731

Qy   5701 CAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAA 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5732 CAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAA 5791

Qy   5761 GAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5792 GAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAG 5851
```

```
Qy   5821  CTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAA  5880
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5852  CTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAA  5911

Qy   5881  GAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAG  5940
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5912  GAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAG  5971

Qy   5941  GAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAA  6000
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5972  GAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAA  6031

Qy   6001  GAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTC  6060
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6032  GAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTC  6091

Qy   6061  TCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAG  6120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6092  TCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAG  6151

Qy   6121  CTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAAC  6180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6152  CTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAAC  6211

Qy   6181  CAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTT  6240
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6212  CAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTT  6271

Qy   6241  AAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGC  6300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6272  AAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGC  6331

Qy   6301  ATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGG  6360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6332  ATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGG  6391

Qy   6361  CGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATG  6420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6392  CGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATG  6451

Qy   6421  GCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTT  6480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6452  GCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTT  6511

Qy   6481  AAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCA  6540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6512  AAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCA  6571

Qy   6541  GAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTG  6600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6572  GAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTG  6631

Qy   6601  GAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTG  6660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6632  GAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTG  6691

Qy   6661  AACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAA  6720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6692  AACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAA  6751
```

```
Qy    6721 CTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCA 6780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6752 CTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCA 6811

Qy    6781 GAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAA 6840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6812 GAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAA 6871

Qy    6841 GTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGT 6900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6872 GTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGT 6931

Qy    6901 CTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAG 6960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6932 CTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAG 6991

Qy    6961 AATGCCTCAGCCAGATGA 6978
           ||||||||||||||||||
Db    6992 AATGCCTCAGCCAGATGA 7009
```

RESULT 3
ACC47248
ID   ACC47248 standard; cDNA; 7222 BP.
XX
AC   ACC47248;
XX
DT   11-AUG-2003   (first entry)
XX
DE   Human SCAP encoding cDNA-Incyte Id. 2749809CB1.
XX
KW   SCAP; structural and cytoskeleton-associated protein; nephrotropic;
KW   cytostatic; antiarteriosclerotic; hepatotropic; virucide; antibacterial;
KW   antihelminthic; cardiant; nootropic; neuroprotective; cerebroprotective;
KW   anticonvulsant; gene therapy; transgenic; human; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2003008625-A2.
XX
PD   30-JAN-2003.
XX
PF   19-JUL-2002; 2002WO-US022866.
XX
PR   20-JUL-2001; 2001US-0306810P.
PR   27-JUL-2001; 2001US-0308338P.
PR   07-AUG-2001; 2001US-0310980P.
PR   17-AUG-2001; 2001US-0313098P.
PR   31-AUG-2001; 2001US-0316796P.
PR   07-SEP-2001; 2001US-0317899P.
PR   14-SEP-2001; 2001US-0322183P.
PR   28-SEP-2001; 2001US-0326101P.
XX
PA   (INCY-) INCYTE GENOMICS INC.
XX
PI   Jones KA, Swarnakar A, Gorvad AE, Hafalia AJA, Warren BA;
PI   Ison CH, Honchell CD, Nguyen DB, Barroso I, Das D, Lindquist EA;
PI   Lee EA, Yue H, Forsythe IJ, Ramkumar J, Griffin JA, Li JX, Yang J;
PI   Baughn MR, Borowsky ML, Thornton M, Yao MG, Walia NK, Burford N;
PI   Lal PG, Gururajan R, Lee S, Bulloch SA, Becha SD, Richardson TW;
PI   Elliott VS, Sprague WW, Tang YT, Azimzai Y, Lu Y, Zebarjadian Y;

```
XX
DR    WPI; 2003-239351/23.
DR    P-PSDB; ABR39818.
XX
PT    New human structural and cytoskeleton-associated protein (SCAP), useful
PT    for diagnosing, treating and preventing diseases or conditions associated
PT    with aberrant SCAP expression, e.g. cancer, atherosclerosis or
PT    infections.
XX
PS    Claim 5; Page 242-244; 267pp; English.
XX
CC    The invention relates to novel human SCAP (structural and cytoskeleton-
CC    associated proteins and encoding polynucleotides. The SCAP polypeptides
CC    and polynucleotides are useful in diagnosing, treating and preventing
CC    diseases or conditions associated with aberrant expression of SCAP, such
CC    as cell motility disorders (e.g. ankylosing spondylitis), developmental
CC    disorders (e.g. renal tubular acidosis or dwarfism), cell proliferative
CC    disorders (e.g. cancer, arteriosclerosis, cirrhosis or hepatitis),
CC    infections (e.g. viral, bacterial or helminthic), heart and skeletal
CC    muscle disorders (e.g. muscular dystrophy or cardiomyopathy), and
CC    neurological disorders (e.g. Alzheimer's disease, Parkinson's disease,
CC    stroke, epilepsy or multiple sclerosis). These are also useful in
CC    assessing the effects of exogenous compounds on the expression of nucleic
CC    acid and amino acid sequences of SCAP. The SCAP or its fragments are
CC    useful in screening compounds for identifying modulators. The microarray
CC    is useful in monitoring or measuring protein-protein interactions, drug-
CC    target interactions, and gene expression profiles. Sequences ACC47235-271
CC    represent human SCAP polypeptides encoding cDNA sequences
XX
SQ    Sequence 7222 BP; 2599 A; 1387 C; 1709 G; 1527 T; 0 U; 0 Other;

   Query Match              95.7%;   Score 6681.2;  DB 8;   Length 7222;
   Best Local Similarity    97.9%;   Pred. No. 0;
   Matches 6834;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels  141;  Gaps    1;
```

```
Qy        1 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 60
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      137 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 196


Qy       61 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      197 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 256


Qy      121 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db      257 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAGTTGAGATTGCAGAT 316


Qy      181 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      317 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 376


Qy      241 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 300
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      377 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 436


Qy      301 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 360
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      437 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 496


Qy      361 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 420
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    497 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 556

Qy    421 GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    557 GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC 616

Qy    481 AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    617 AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA 676

Qy    541 ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    677 ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG 736

Qy    601 AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACCGCTTCAAGATTTG 660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db    737 AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACTGCTTCAAGATTTG 796

Qy    661 ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    797 ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC 856

Qy    721 ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||.|||||||||||||||||
Db    857 ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA 916

Qy    781 CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    917 CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA 976

Qy    841 AAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    977 AAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT 1036

Qy    901 AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1037 AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC 1096

Qy    961 TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1097 TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA 1156

Qy   1021 GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1157 GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA 1216

Qy   1081 ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1217 ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA 1276

Qy   1141 GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1277 GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA 1336

Qy   1201 GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1337 GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA 1396

Qy   1261 CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1397 CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA 1456
```

```
Qy   1321 GACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATA 1380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1457 GACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATA 1516

Qy   1381 GAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCT 1440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1517 GAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCT 1576

Qy   1441 ATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGT 1500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1577 ATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGT 1636

Qy   1501 AGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAA 1560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1637 AGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAA 1696

Qy   1561 AAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATA 1620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1697 AAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATA 1756

Qy   1621 GATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAA 1680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1757 GATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAA 1816

Qy   1681 GAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAG 1740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1817 GAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAG 1876

Qy   1741 ATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACT 1800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1877 ATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACT 1936

Qy   1801 GAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGG 1860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1937 GAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGG 1996

Qy   1861 TTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGG 1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1997 TTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGG 2056

Qy   1921 AAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGA 1980
          |.|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2057 AAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGA 2116

Qy   1981 GACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTA 2040
          |.|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2117 GACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTA 2176

Qy   2041 GAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGAT 2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2177 GAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGAT 2236

Qy   2101 CTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAAC 2160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2237 CTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAAC 2296

Qy   2161 CAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTT 2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2297 CAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTT 2356
```

```
Qy   2221 CAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTC 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2357 CAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTC 2416

Qy   2281 TCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGAT 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2417 TCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGAT 2476

Qy   2341 GACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTT 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2477 GACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTT 2536

Qy   2401 GATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2537 GATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTG 2596

Qy   2461 AAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTT 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2597 AAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTT 2656

Qy   2521 GCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAA 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2657 GCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAA 2716

Qy   2581 GCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2717 GCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCA 2776

Qy   2641 ACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTT 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2777 ACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTT 2836

Qy   2701 GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2837 GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA 2896

Qy   2761 GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2897 GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT 2956

Qy   2821 GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2957 GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT 3016

Qy   2881 GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3017 GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG 3076

Qy   2941 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3077 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 3136

Qy   3001 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3137 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 3196

Qy   3061 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3197 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 3256

Qy   3121 GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 3180
```

```
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3257  GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 3316

Qy    3181  ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 3240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3317  ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 3376

Qy    3241  AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 3300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3377  AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 3436

Qy    3301  ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 3360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3437  ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 3496

Qy    3361  CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 3420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3497  CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 3556

Qy    3421  GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 3480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3557  GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 3616

Qy    3481  GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 3540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3617  GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 3676

Qy    3541  CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 3600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3677  CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 3736

Qy    3601  GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 3660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3737  GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 3796

Qy    3661  GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3797  GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3856

Qy    3721  CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3857  CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3916

Qy    3781  GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3917  GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3976

Qy    3841  GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 3900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3977  GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 4036

Qy    3901  TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 3960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4037  TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 4096

Qy    3961  TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4097  TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4156

Qy    4021  GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   4157 GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4216

Qy   4081 CATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTA 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4217 CATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTA 4276

Qy   4141 CATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGT 4200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Db   4277 CATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTAGAGAGT 4336

Qy   4201 CTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAA 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4337 CTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAA 4396

Qy   4261 ATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGA 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4397 ATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGA 4456

Qy   4321 CTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTT 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4457 CTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTT 4516

Qy   4381 GAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTA 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4517 GAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTA 4576

Qy   4441 GAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4577 GAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCG 4636

Qy   4501 CTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAA 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4637 CTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAA 4696

Qy   4561 GAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAG 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4697 GAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAG 4756

Qy   4621 GAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAAT 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4757 GAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAAT 4816

Qy   4681 GAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCC 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4817 GAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCC 4876

Qy   4741 GAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGAC 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4877 GAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGAC 4936

Qy   4801 AGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCA 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4937 AGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCA 4996

Qy   4861 AAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAAT 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4997 AAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAAT 5056

Qy   4921 CACATTAGGGAAGTAAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAAT 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5057 CACATTAGGGAAGTAAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAAT 5116
```

```
Qy    4981  GTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAG  5040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5117  GTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAG  5176

Qy    5041  GAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAAT  5100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5177  GAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAAT  5236

Qy    5101  ATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGAC  5160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5237  ATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGAC  5296

Qy    5161  CAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTA  5220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5297  CAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTA  5356

Qy    5221  GAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTC  5280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5357  GAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTC  5416

Qy    5281  CTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCG  5340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5417  CTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCG  5476

Qy    5341  TGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAA  5400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5477  TGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAA  5536

Qy    5401  AAAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAG  5460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5537  AAAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAG  5596

Qy    5461  CAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAA  5520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5597  CAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAA  5656

Qy    5521  CTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAA  5580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5657  CTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAA  5716

Qy    5581  GAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTG  5640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5717  GAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTG  5776

Qy    5641  AACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAG  5700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5777  AACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAG  5836

Qy    5701  CAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAA  5760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5837  CAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAA  5896

Qy    5761  GAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAG  5820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5897  GAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAG  5956

Qy    5821  CTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAA  5880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5957  CTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAA  6016
```

```
Qy    5881  GAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAG  5940
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6017  GAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAG  6076

Qy    5941  GAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAA  6000
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6077  GAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAA  6136

Qy    6001  GAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTC  6060
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6137  GAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTC  6196

Qy    6061  TCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAG  6120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6197  TCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAG  6256

Qy    6121  CTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAAC  6180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6257  CTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAAC  6316

Qy    6181  CAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTT  6240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6317  CAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTT  6376

Qy    6241  AAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGC  6300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6377  AAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTT----------------------  6412

Qy    6301  ATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGG  6360

Db    6413  ------------------------------------------------------------  6412

Qy    6361  CGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATG  6420
                                                                     |||
Db    6413  ------------------------------------------------------ATG  6415

Qy    6421  GCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTT  6480
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6416  GCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTT  6475

Qy    6481  AAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCA  6540
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6476  AAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCA  6535

Qy    6541  GAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTG  6600
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6536  GAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTG  6595

Qy    6601  GAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTG  6660
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6596  GAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTG  6655

Qy    6661  AACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAA  6720
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6656  AACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAA  6715

Qy    6721  CTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCA  6780
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6716  CTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCA  6775

Qy    6781  GAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAA  6840
```

```
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6776  GAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAA 6835

Qy   6841  GTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGT 6900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6836  GTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGT 6895

Qy   6901  CTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAG 6960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6896  CTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAG 6955

Qy   6961  AATGCCTCAGCCAGATGA 6978
           ||||||||||||||||||
Db   6956  AATGCCTCAGCCAGATGA 6973
```

RESULT 4
AAS59864
ID   AAS59864 standard; cDNA; 8452 BP.
XX
AC   AAS59864;
XX
DT   16-JAN-2002 (first entry)
XX
DE   Human novel cytokine encoding cDNA 790CIP2B_6 #2.
XX
KW   Human; ss; cytokine; cell proliferation; cell differentiation;
KW   antiinflammatory; stem cell growth factor; activin; inhibin; cancer;
KW   nervous system disease; neuropathy; Alzheimer's disease;
KW   Parkinson's disease; Huntington's disease; spinal cord disorder;
KW   head trauma; stroke; myeloid cell disorder; lymphoid cell disorder;
KW   platelet disorder; thrombocytopaenia; stem cell disorder;
KW   aplastic anaemia; tissue regeneration; wound healing; ulcer;
KW   osteoporosis; osteoarthritis; bone degenerative disorder;
KW   periodontal disease; fibrosis; reperfusion; immune disorder; SCID;
KW   severe combined immunodeficiency; infection; autoimmune disorder;
KW·   multiple sclerosis; rheumatoid arthritis; diabetes mellitus; allergy;
KW   asthma; coagulation disorder; haemophilia; sepsis; nephritis;
KW   inflammatory bowel disease; food supplement.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200175093-A1.
XX
PD   11-OCT-2001.
XX
PF   30-MAR-2001; 2001WO-US010484.
XX
PR   31-MAR-2000; 2000US-00540217.
PR   23-AUG-2000; 2000US-00649167.
PR   22-SEP-2000; 2000US-00668680.
PR   23-OCT-2000; 2000US-00695618.
PR   30-NOV-2000; 2000US-00728711.
PR   14-MAR-2001; 2001US-00808701.
XX
PA·   (HYSE-) HYSEQ INC.
XX
PI   Tang YT, Asundi V, Zhou P, Xue AJ, Ren F, Zhang J, Wang J;
PI   Xu C, Yang Y, Zaho QA, Chen R, Wang D, Goodrich RW, Liu C;
PI   Drmanac RT;
XX
```

DR    WPI; 2001-626432/72.
DR    P-PSDB; AAU68572.
XX
PT    New polypeptides and nucleic acids, useful for diagnosis, treatment of
PT    inflammatory, autoimmune, neurological, myeloid or lymphoid cell, bone
PT    degenerative disorders, cancer and promoting wound healing.
XX
PS    Claim 1; Page 287-289; 336pp; English.
XX
CC    The invention relates to isolated human polypeptides (which may be
CC    cytokines) and the polynucleotides encoding them. The protein is useful
CC    for identifying a compound which binds to it (e.g. modulators, agonists
CC    and antagonists). The polynucleotides are useful as an array for mismatch
CC    detection. The proteins and nucleic acids are useful as nutritional
CC    sources or supplements. The protein exhibits exhibits activity relating
CC    to cytokine, cell proliferation, cell differentiation, antiinflammatory,
CC    stem cell growth factor activity, immune stimulating or immune
CC    suppressing and activin or inhibin related activities. The proteins (and
CC    antibodies raised against them) and nucleic acids are therefore useful in
CC    the diagnosis and treatment of diseases and disorders such as cancer,
CC    central and peripheral nervous system diseases and neuropathies,
CC    Alzheimer's, Parkinson's disease, Huntington's disease, amyotrophic
CC    lateral sclerosis, spinal cord disorders, head trauma, cerebrovascular
CC    diseases, stroke, myeloid or lymphoid cell disorders, platelet disorders,
CC    thrombocytopaenia, stem cell disorders, aplastic anaemia, for
CC    regeneration of bone, cartilage, tendon, ligament and/or nerve tissue
CC    growth, and in tissue repair, healing of burns, incisions, ulcers, for
CC    treating osteoporosis, osteoarthritis, bone degenerative disorders, or
CC    periodontal disease, lung or liver fibrosis, reperfusion injury in
CC    various tissues, various immune deficiencies and disorders including
CC    severe combined immunodeficiency (SCID), bacterial or fungal infections,
CC    autoimmune disorders (e.g. multiple sclerosis, rheumatoid arthritis,
CC    diabetes mellitus, myasthenia gravis), allergic reactions and conditions;
CC    such as asthma or other respiratory problems, coagulation disorders,
CC    haemophilia), septic shock, sepsis, arthritis, nephritis and inflammatory
CC    bowel disease, viral infection and are useful in altering bodily
CC    characteristics. The present sequence encodes a novel protein of the
CC    invention
XX
SQ    Sequence 8452 BP; 3015 A; 1642 C; 2061 G; 1734 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match                78.3%;   Score 5466.8;   DB 4;   Length 8452;
  Best Local Similarity    93.5%;   Pred. No. 0;
  Matches 5909;  Conservative      0;  Mismatches    67;  Indels   342;  Gaps      6;

Qy        808 GAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTT 867
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2198 GAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTT 2257

Qy        868 AAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCA 927
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2258 AAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCA 2317

Qy        928 TTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAAC 987
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2318 TTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAAC 2377

Qy        988 ACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATAGAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAA 1047
              ||||||||||||||
Db       2378 ACAAAAAATGAATT---------------------------------------------- 2391

```
Qy   1048  TATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAAATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAAT 1107

Db   2392  ------------------------------------------------------------ 2391


Qy   1108  TATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGC 1167
                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2392  -------------GTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGC 2437


Qy   1168  AAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAG 1227
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2438  AAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAG 2497


Qy   1228  GCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAATGATCACATGAACTTG 1287
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2498  GCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAATGATCACATGAACTTG 2557


Qy   1288  AGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAATAAGTGCAGCA 1347
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2558  AGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAATAAGTGCAGCA 2617


Qy   1348  CAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGA 1407
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2618  CAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGA 2677


Qy   1408  GCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAG------------ 1455
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2678  GCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAGGAGGCTGTTGTT 2737


Qy   1456  ------------------------------------------------------------ 1455

Db   2738  CAGTACAGGCAAGAGATGATACTAGCACCAACCAGGAAGGTGCTGGTGGATGTGGAGAGA 2797


Qy   1456  ----------------------ATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGC-- 1489
                                  ||| || | || || ||| || |      |
Db   2798  AAGCCAGCTGATTCCAGGAAACACTGGACAGTAGAACTGACAGGACTTAATGATGGGTTG 2857


Qy   1490  ------------AGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCT 1536
                       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2858  AAAGTAGGAGATGAGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCT 2917


Qy   1537  CTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAG 1596
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2918  CTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAG 2977


Qy   1597  ATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCAT 1656
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2978  ATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCAT 3037


Qy   1657  ATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAA 1716
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3038  ATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAA 3097


Qy   1717  CAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATT 1776
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3098  CAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATT 3157


Qy   1777  AAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAG 1836
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3158  AAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAG 3217


Qy   1837  GATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCA 1896
```

```
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3218  GATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCA  3277

Qy    1897  ACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGA  1956
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3278  ACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGA  3337

Qy    1957  TTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAAT  2016
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3338  TTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAAT  3397

Qy    2017  ATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCA  2076
                   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3398  ATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCA  3457

Qy    2077  TCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTA  2136
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3458  TCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTA  3517

Qy    2137  AACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTT  2196
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3518  AACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTT  3577

Qy    2197  ACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAG  2256
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3578  ACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAG  3637

Qy    2257  AATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCAT  2316
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3638  AATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCAT  3697

Qy    2317  GCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTC  2376
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3698  GCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTC  3757

Qy    2377  CAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGT  2436
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3758  CAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGT  3817

Qy    2437  GTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCT  2496
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3818  GTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCT  3877

Qy    2497  TCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCA  2556
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3878  TCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCA  3937

Qy    2557  CGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATG  2616
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3938  CGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATG  3997

Qy    2617  GCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGA  2676
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3998  GCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGA  4057

Qy    2677  GCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATG  2736
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4058  GCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATG  4117

Qy    2737  GAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTT  2796
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    4118 GAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTT 4177

Qy    2797 ACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGA 2856
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4178 ACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGA 4237

Qy    2857 GAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTA 2916
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4238 GAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTA 4297

Qy    2917 GATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCT 2976
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4298 GATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCT 4357

Qy    2977 GAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAAC 3036
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4358 GAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAAC 4417

Qy    3037 CAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCA 3096
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4418 CAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCA 4477

Qy    3097 GCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAG 3156
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4478 GCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAG 4537

Qy    3157 AAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCA 3216
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4538 AAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCA 4597

Qy    3217 CAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCA 3276
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4598 CAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCA 4657

Qy    3277 AGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTT 3336
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4658 AGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTT 4717

Qy    3337 TTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGC 3396
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4718 TTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGC 4777

Qy    3397 ATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCA 3456
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4778 ATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCA 4837

Qy    3457 AAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCA 3516
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4838 AAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCA 4897

Qy    3517 GCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAA 3576
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4898 GCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAA 4957

Qy    3577 CCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTG 3636
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4958 CCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTG 5017

Qy    3637 TTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGAC 3696
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5018 TTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGAC 5077
```

```
Qy   3697 CAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGAT 3756
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5078 CAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGAT 5137

Qy   3757 GGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAAT 3816
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5138 GGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAAT 5197

Qy   3817 AGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATG 3876
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5198 AGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATG 5257

Qy   3877 GTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCAT 3936
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5258 GTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCAT 5317

Qy   3937 TGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATG 3996
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5318 TGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATG 5377

Qy   3997 CAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCG 4056
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5378 CAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCG 5437

Qy   4057 GAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGC 4116
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5438 GAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGC 5497

Qy   4117 TTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGAC 4176
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5498 TTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGAC 5557

Qy   4177 TTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAA 4236
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5558 TTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAA 5617

Qy   4237 CATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGC 4296
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5618 CATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGC 5677

Qy   4297 TCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACT 4356
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5678 TCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACT 5737

Qy   4357 AAAGAAAA----------------------------------------GACAAAAAATGCT 4377
          ||||||||                                        ||||||||||||
Db   5738 AAAGAAAAGGTTTGTCTTCTTGTGGTTTGGGGTGTGAGCTCAGTGTGGACAAAAAATGCT 5797

Qy   4378 GTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAA 4437
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5798 GTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAA 5857

Qy   4438 TTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGA 4497
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5858 TTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGA 5917

Qy   4498 TCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTG 4557
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5918 TCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTG 5977
```

```
Qy    4558  AAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAG  4617
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5978  AAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAG  6037

Qy    4618  AAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGC  4677
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6038  AAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGC  6097

Qy    4678  AATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGA  4737
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6098  AATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGA  6157

Qy    4738  GCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTG  4797
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6158  GCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTG  6217

Qy    4798  GACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAG  4857
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||-  -
Db    6218  GACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAG  6277

Qy    4858  GCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGC  4917
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6278  GCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGC  6337

Qy    4918  AATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTA  4977
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6338  AATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTA  6397

Qy    4978  AATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAA  5037
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6398  AATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAA  6457

Qy    5038  GAGGAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAG  5097
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6458  GAGGAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAG  6517

Qy    5098  AATATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACAT  5157
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6518  AATATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACAT  6577

Qy    5158  GACCAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAG  5217
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6578  GACCAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAG  6637

Qy    5218  TTAGAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAG  5277
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6638  TTAGAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAG  6697

Qy    5278  CTCCTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAA  5337
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6698  CTCCTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAA  6757

Qy    5338  TCGTGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGG  5397
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6758  TCGTGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGG  6817

Qy    5398  GAAAAAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATG  5457
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6818  GAAAAAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATG  6877

Qy    5458  GAGCAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGAC  5517
```

```
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6878  GAGCAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGAC 6937

Qy     5518  CAACTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTC 5577
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6938  CAACTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTC 6997

Qy     5578  CAAGAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTG---------CAGGAGGAACTAGCTAATGTC 5628
                  |||||    |   |||   |  |     |||||      |  ||       || |
Db     6998  CAAGACTTAGTAGATACTGGATTGGCACTGACCACCTCTAGTAAAGATGGCTTTATTAGT 7057

Qy     5629  CAAGACCATTTGAACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTG 5688
                   |||  |||   ||       |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7058  AGTTTCCACTTGTTCTTTCACCTAAAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTG 7117

Qy     5689  TTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAA 5748
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7118  TTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAA 7177

Qy     5749  GACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATT 5808
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7178  GACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATT 7237

Qy     5809  GAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAG 5868
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7238  GAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAG 7297

Qy     5869  AGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCAC 5928
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7298  AGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCAC 7357

Qy     5929  CAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTG 5988
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7358  CAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTG 7417

Qy     5989  CTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTG 6048
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7418  CTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTG 7477

Qy     6049  GAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAG 6108
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7478  GAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAG 7537

Qy     6109  AAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGC 6168
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7538  AAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGC 7597

Qy     6169  CTTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTG 6228
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7598  CTTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTG 7657

Qy     6229  AAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAG 6288
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7658  AAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAG 7717

Qy     6289  GAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCAT 6348
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7718  GAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCAT 7777

Qy     6349  GAGCGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTC 6408
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      7778 GAGCGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTC 7837

Qy      6409 AAGAAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCA 6468
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      7838 AAGAAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCA 7897

Qy      6469 ATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAAT 6528
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      7898 ATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAAT 7957

Qy      6529 CAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAACCTA 6588
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      7958 CAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAACCTA 8017

Qy      6589 GAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTT 6648
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      8018 GAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTT 8077

Qy      6649 GAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCA 6708
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      8078 GAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCACATAAT---------------------- 8112

Qy      6709 CTCCGGGAGAAACTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATG 6768
                                               |||||||||||||||||||||||||
Db      8113 -----------------------------------GGCCCAACTCCGACACTGTATG 8134

Qy      6769 TCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGT 6828
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      8135 TCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGT 8194

Qy      6829 TTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCG 6888
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      8195 TTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCG 8254

Qy      6889 TCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAA 6948
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      8255 TCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAA 8314

Qy      6949 AATCAGGAAAAGAATGCC 6966
             |||||||| | | | || |
Db      8315 AATCAGGCAGACAGTGTC 8332
```

RESULT 5
AED08238
ID   AED08238 standard; cDNA; 8452 BP.
XX
AC   AED08238;
XX
DT   17-NOV-2005   (first entry)
XX
DE   Human CP140 partial cDNA contig sequence.
XX
KW   Immune stimulation; gene therapy; drug screening; transgenic animal;
KW   food; inflammation; antiinflammatory; autoimmune disease;
KW   immunosuppressive; immune disorder; autonomic nervous system disease;
KW   cns-gen.; neurological disease; central nervous system disease; leukemia;
KW   cytostatic; hematological disease; neoplasm; gene; ss; CP140 protein.
XX
OS   Homo sapiens.
XX

```
FH    Key                  Location/Qualifiers
FT    CDS                  2. .8452
FT                         /*tag= a
FT                         /product= "Human CP140 contig protein"
FT                         /note= "No start codon"
FT                         /partial
XX
PN    US2005202422-A1.
XX
PD    15-SEP-2005.
XX
PF    08-NOV-2002; 2002US-00291128.
XX
PR    31-MAR-2000; 2000US-00540217.
PR    30-MAR-2001; 2001WO-US010484.
XX
PA    (TANG/) TANG Y T.
PA    (LIUC/) LIU C.
PA    (ASUN/) ASUNDI V.
PA    (CHEN/) CHEN R.
PA    (RENF/) REN F.
PA    (WANG/) WANG D.
PA    (WANG/) WANG J.
PA    (XUCC/) XU C.
PA    (XUEA/) XUE A J.
PA    (YANG/) YANG Y.
PA    (ZHAN/) ZHANG J.
PA    (ZHAO/) ZHAO Q A.
PA    (ZHOU/) ZHOU P.
PA    (GOOD/) GOODRICH R W.
PA    (DRMA/) DRMANAC R T.
XX
PI    Tang YT, Liu C, Asundi V, Chen R, Ren F, Wang D, Wang J, Xu C;
PI    Xue AJ, Yang Y, Zhang J, Zhao QA, Zhou P, Goodrich RW, Drmanac RT;
XX
DR    WPI; 2005-618089/63.
DR    P-PSDB; AED08281.
XX
PT    New isolated polynucleotides, useful for treating, preventing, or
PT    ameliorating, e.g. Alzheimer's disease, Parkinson's disease, Huntington's
PT    disease, amyotrophic lateral sclerosis, or leukemia.
XX
PS    Claim 1; SEQ ID NO 102; 60pp; English.
XX
CC    The invention relates to polynucleotides and polypeptides capable of
CC    inducing an immune response. The polynucleotides and proteins are useful
CC    for treating, preventing or ameliorating a medical condition, e.g.
CC    Alzheimer's disease, Parkinson's disease, Huntington's disease,
CC    amyotrophic lateral sclerosis, Shy-Drager syndrome or stroke. The
CC    proteins can be used for treating leukemia, inflammatory disorders and
CC    autoimmune disorders, e.g. multiple sclerosis, rheumatoid arthritis,
CC    diabetes, myasthenia gravis or autoimmune inflammatory eye disease. They
CC    can also be used as nutritional sources and supplements, e.g. as a carbon
CC    source, nitrogen source or carbohydrate source. The sequences of the
CC    invention are also useful in gene therapy, drug screening and in
CC    production of transgenic animals. The present sequence is the human CP140
CC    partial contig cDNA of the invention. Note: The sequence data for this
CC    patent did not form part of the printed specification, but was obtained
CC    in electronic format directly from USPTO at
CC    seqdata.uspto.gov/sequence.html?DocID=20050202422.
XX
```

```
SQ    Sequence 8452 BP; 3015 A; 1642 C; 2061 G; 1734 T; 0 U; 0 Other;

   Query Match              78.3%;   Score 5466.8;   DB 14;   Length 8452;
   Best Local Similarity    93.5%;   Pred. No. 0;
   Matches 5909;  Conservative    0;  Mismatches    67;  Indels   342;  Gaps      6;
```

```
Qy       808 GAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTT 867
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2198 GAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTT 2257

Qy       868 AAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCA 927
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2258 AAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCA 2317

Qy       928 TTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAAC 987
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2318 TTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAAC 2377

Qy       988 ACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATAGAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAA 1047
             |||||||||||||||
Db      2378 ACAAAAAATGAATT---------------------------------------------- 2391

Qy      1048 TATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAAATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAAT 1107
Db      2392 ------------------------------------------------------------ 2391

Qy      1108 TATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGC 1167
                          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2392 -------------GTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGC 2437

Qy      1168 AAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAG 1227
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2438 AAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAG 2497

Qy      1228 GCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAATGATCACATGAACTTG 1287
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2498 GCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAATGATCACATGAACTTG 2557

Qy      1288 AGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCA 1347
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2558 AGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCA 2617

Qy      1348 CAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGA 1407
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2618 CAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGA 2677

Qy      1408 GCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAG----------- 1455
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2678 GCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAGGAGGCTGTTGTT 2737

Qy      1456 ------------------------------------------------------------ 1455
Db      2738 CAGTACAGGCAAGAGATGATACTAGCACCAACCAGGAAGGTGCTGGTGGATGTGGAGAGA 2797

Qy      1456 ----------------------ATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGC-- 1489
                                   |||  ||  |    ||  ||   |||   |  |      |
Db      2798 AAGCCAGCTGATTCCAGGAAACACTGGACAGTAGAACTGACAGGACTTAATGATGGGTTG 2857

Qy      1490 -----------AGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCT 1536
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2858 AAAGTAGGAGATGAGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCT 2917
```

```
Qy    1537 CTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAG 1596
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2918 CTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAG 2977

Qy    1597 ATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCAT 1656
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2978 ATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCAT 3037

Qy    1657 ATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAA 1716
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3038 ATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAA 3097

Qy    1717 CAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATT 1776
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3098 CAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATT 3157

Qy    1777 AAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAG 1836
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3158 AAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAG 3217

Qy    1837 GATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCA 1896
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3218 GATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCA 3277

Qy    1897 ACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGA 1956
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3278 ACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGA 3337

Qy    1957 TTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAAT 2016
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3338 TTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAAT 3397

Qy    2017 ATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCA 2076
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3398 ATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCA 3457

Qy    2077 TCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTA 2136
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3458 TCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTA 3517

Qy    2137 AACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTT 2196
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3518 AACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTT 3577

Qy    2197 ACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAG 2256
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3578 ACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAG 3637

Qy    2257 AATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCAT 2316
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3638 AATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCAT 3697

Qy    2317 GCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTC 2376
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3698 GCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTC 3757

Qy    2377 CAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGT 2436
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3758 CAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGT 3817
```

```
Qy    2437  GTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCT  2496
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3818  GTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCT  3877

Qy    2497  TCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCA  2556
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3878  TCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCA  3937

Qy    2557  CGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATG  2616
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3938  CGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATG  3997

Qy    2617  GCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGA  2676
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3998  GCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGA  4057

Qy    2677  GCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATG  2736
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4058  GCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATG  4117

Qy    2737  GAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTT  2796
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4118  GAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTT  4177

Qy    2797  ACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGA  2856
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4178  ACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGA  4237

Qy    2857  GAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTA  2916
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4238  GAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTA  4297

Qy    2917  GATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCT  2976
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4298  GATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCT  4357

Qy    2977  GAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAAC  3036
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4358  GAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAAC  4417

Qy    3037  CAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCA  3096
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4418  CAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCA  4477

Qy    3097  GCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAG  3156
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4478  GCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAG  4537

Qy    3157  AAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCA  3216
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4538  AAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCA  4597

Qy    3217  CAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCA  3276
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4598  CAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCA  4657

Qy    3277  AGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTT  3336
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4658  AGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTT  4717

Qy    3337  TTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGC  3396
```

```
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4718  TTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGC 4777

Qy   3397  ATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCA 3456
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4778  ATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCA 4837

Qy   3457  AAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCA 3516
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4838  AAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCA 4897

Qy   3517  GCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAA 3576
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4898  GCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAA 4957

Qy   3577  CCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTG 3636
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4958  CCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTG 5017

Qy   3637  TTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGAC 3696
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5018  TTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGAC 5077

Qy   3697  CAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGAT 3756
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5078  CAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGAT 5137

Qy   3757  GGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAAT 3816
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5138  GGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAAT 5197

Qy   3817  AGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATG 3876
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5198  AGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATG 5257

Qy   3877  GTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCAT 3936
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5258  GTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCAT 5317

Qy   3937  TGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATG 3996
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5318  TGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATG 5377

Qy   3997  CAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCG 4056
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5378  CAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCG 5437

Qy   4057  GAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGC 4116
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5438  GAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGC 5497

Qy   4117  TTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGAC 4176
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5498  TTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGAC 5557

Qy   4177  TTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAA 4236
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5558  TTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAAATCACTCAAA 5617

Qy   4237  CATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGC 4296
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    5618 CATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGC 5677

Qy    4297 TCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACT 4356
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5678 TCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACT 5737

Qy    4357 AAAGAAAA--------------------------------------GACAAAAAATGCT 4377
            ||||||||                                      ||||||||||||
Db    5738 AAAGAAAAGGTTTGTCTTCTTGTGGTTTGGGGTGTGAGCTCAGTGTGGACAAAAAATGCT 5797

Qy    4378 GTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAA 4437
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5798 GTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAA 5857

Qy    4438 TTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGA 4497
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5858 TTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGA 5917

Qy    4498 TCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTG 4557
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5918 TCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTG 5977

Qy    4558 AAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAG 4617
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5978 AAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAG 6037

Qy    4618 AAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGC 4677
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6038 AAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGC 6097

Qy    4678 AATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGA 4737
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6098 AATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGA 6157

Qy    4738 GCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTG 4797
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6158 GCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTG 6217

Qy    4798 GACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAG 4857
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6218 GACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAG 6277

Qy    4858 GCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGC 4917
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6278 GCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGC 6337

Qy    4918 AATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTA 4977
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6338 AATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTA 6397

Qy    4978 AATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAA 5037
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6398 AATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAA 6457

Qy    5038 GAGGAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAG 5097
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6458 GAGGAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAG 6517

Qy    5098 AATATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACAT 5157
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6518 AATATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACAT 6577
```

```
Qy   5158 GACCAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAG 5217
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6578 GACCAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAG 6637

Qy   5218 TTAGAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAG 5277
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6638 TTAGAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAG 6697

Qy   5278 CTCCTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAA 5337
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6698 CTCCTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAA 6757

Qy   5338 TCGTGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGG 5397
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6758 TCGTGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGG 6817

Qy   5398 GAAAAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATG 5457
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6818 GAAAAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATG 6877

Qy   5458 GAGCAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGAC 5517
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6878 GAGCAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGAC 6937

Qy   5518 CAACTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTC 5577
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6938 CAACTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTC 6997

Qy   5578 CAAGAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTG---------CAGGAGGAACTAGCTAATGTC 5628
          |||||      |   |||   | | |    |||||         | ||       || |
Db   6998 CAAGACTTAGTAGATACTGGATTGGCACTGACCACCTCTAGTAAAGATGGCTTTATTAGT 7057

Qy   5629 CAAGACCATTTGAACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTG 5688
              |||  |||   | |          |   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7058 AGTTTCCACTTGTTCTTTCACCTAAAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTG 7117

Qy   5689 TTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAA 5748
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7118 TTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAA 7177

Qy   5749 GACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATT 5808
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7178 GACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATT 7237

Qy   5809 GAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAG 5868
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7238 GAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAG 7297

Qy   5869 AGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCAC 5928
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7298 AGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCAC 7357

Qy   5929 CAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTG 5988
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7358 CAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTG 7417

Qy   5989 CTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTG 6048
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7418 CTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTG 7477
```

```
Qy    6049 GAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAG 6108
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7478 GAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAG 7537

Qy    6109 AAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGC 6168
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7538 AAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGC 7597

Qy    6169 CTTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTG 6228
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7598 CTTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTG 7657

Qy    6229 AAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAG 6288
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7658 AAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAG 7717

Qy    6289 GAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCAT 6348
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7718 GAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCAT 7777

Qy    6349 GAGCGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTC 6408
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7778 GAGCGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTC 7837

Qy    6409 AAGAAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCA 6468
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7838 AAGAAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCA 7897

Qy    6469 ATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAAT 6528
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7898 ATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAAT 7957

Qy    6529 CAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTA 6588
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7958 CAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTA 8017

Qy    6589 GAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTT 6648
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8018 GAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTT 8077

Qy    6649 GAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCA 6708
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8078 GAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCACATAAT----------------------- 8112

Qy    6709 CTCCGGGAGAAACTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATG 6768
                                                  |||||||||||||||||||||||
Db    8113 ---------------------------------GGCCCAACTCCGACACTGTATG 8134

Qy    6769 TCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGT 6828
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8135 TCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGT 8194

Qy    6829 TTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCG 6888
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8195 TTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCG 8254

Qy    6889 TCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAA 6948
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8255 TCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAA 8314

Qy    6949 AATCAGGAAAAGAATGCC 6966
```

```
                       |||||||| | | | || |
Db          8315 AATCAGGCAGACAGTGTC 8332
```

RESULT 6
ADC30206
ID   ADC30206 standard; cDNA; 6075 BP.
XX
AC   ADC30206;
XX
DT   18-DEC-2003   (first entry)
XX
DE   Human novel cDNA sequence, SEQ ID NO:288.
XX
KW   Human; diagnostic; drug screening; forensics; gene mapping;
KW   biodiversity assessment; Parkinson's disease; Alzheimer's disease;
KW   neurodegenerative diseases; anaemia; platelet disorder; wound; burns;
KW   ulcers; osteoporosis; autoimmune disease; cancer;
KW   molecular weight marker; food supplement; antiparkinsonian; nootropic;
KW   neuroprotective; antianaemic; anticoagulant; thrombolytic; vulnerary;
KW   antiulcer; osteopathic; immunosuppressive; antiinflammatory; cytostatic;
KW   gene therapy; chromosome 9q34.11-34.13; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2003029271-A2.
XX
PD   10-APR-2003.
XX
PF   24-SEP-2002; 2002WO-US030474.
XX
PR   24-SEP-2001; 2001US-0324631P.
XX
PA   (HYSE-) HYSEQ INC.
XX
PI   Tang TY, Zhang J, Ren F, Xue AJ, Zhao QA, Wang J, Wehrman T;
PI   Zhou P, Ghosh M, Wang D, Ma Y, Asundi V, Wang Z, Weng G;
PI   Haley-Vicente D, Drmanac RT;
XX
DR   WPI; 2003-371981/35.
DR   P-PSDB; ADC31177.
XX
PT   New polynucleotide and polypeptide useful for diagnosing, preventing or
PT   treating conditions such as neurodegenerative diseases, anemias, platelet
PT   disorders, wounds, burns, ulcers, osteoporosis, autoimmune diseases or
PT   cancer.
XX
PS   Claim 1; SEQ ID NO 288; 1185pp; English.
XX
CC   The invention relates to 971 novel human cDNA sequences (ADC29919-
CC   ADC30889)and the polypeptides they encode (ADC30890-ADC31860). The
CC   invention also relates to nucleic acid sequences over 99% identical with
CC   the novel human cDNAs. The invention additionally encompasses expression
CC   vectors and host cells comprising a nucleic acid of the invention; the
CC   recombinant production of a polypeptide of the invention; an antibody
CC   against a polypeptide of the invention; a method of detecting
CC   polynucleotides or polypeptides of the invention; and methods of
CC   identifying a compound which binds to a polypeptide of the invention. The
CC   invention further discloses methods of peventing, treating or
CC   ameliorating a medical condition; kits comprising polynucleotide probes
CC   and/or monoclonal antibodies for carrying out the methods of the
```

```
CC    invention; methods for the identification of compounds that modulate the
CC    expression or activity of the polynucleotide and/or polypeptide; and 767
CC    contig sequences corresponding to the cDNA sequences of the invention
CC    (ADC31861-ADC32627) and the polypeptides encoded by the contigs (ADC32628
CC    -ADC33394). The nucleic acids and polypeptides of the invention are
CC    useful in diagnostics, drug screening, forensics, gene mapping, in the
CC    identification of mutations responsible for genetic disorders or other
CC    traits, for assessing biodiversity, and in producing many other types of
CC    data and products dependent on DNA and amino acid sequences. They are
CC    also used for treating diseases such as Parkinson's disease, Alzheimer's
CC    disease and other neurodegenerative diseases, anaemia, platelet
CC    disorders, wounds, burns, ulcers, osteoporosis, autoimmune diseases or
CC    cancer. The nucleic acids may also be used as hybridisation probes or
CC    primers, and in the recombinant production of a protein. The polypeptides
CC    are also useful in generating antibodies, as molecular weight markers,
CC    and as food supplements. The present sequence represents a specifically
CC    claimed human cDNA sequence of the invention. Note: The sequence data for
CC    this patent did not form part of the printed specification, but was
CC    obtained in electronic format directly from WIPO at
CC    ftp.wipo.int/pub/published_pct_sequences.
XX
SQ    Sequence 6075 BP; 2119 A; 1177 C; 1516 G; 1263 T; 0 U; 0 Other;

    Query Match              76.0%;  Score 5302.8;  DB 10;  Length 6075;
    Best Local Similarity    99.7%;  Pred. No. 0;
    Matches 5313;  Conservative    0;  Mismatches   17;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1649 ATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 1708
             | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       472 AGTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 531

Qy      1709 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 1768
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       532 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 591

Qy      1769 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 1828
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       592 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 651

Qy      1829 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 1888
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       652 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 711

Qy      1889 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 1948
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       712 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 771

Qy      1949 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 2008
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       772 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 831

Qy      2009 CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG 2068
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||     | ||  |    | ||
Db       832 CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGTAAATTACGACGATTTCGTGG 891

Qy      2069 TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG 2128
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       892 TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG 951

Qy      2129 CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA 2188
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      952 CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA 1011

Qy     2189 CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG 2248
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1012 CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG 1071

Qy     2249 CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG 2308
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1072 CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG 1131

Qy     2309 AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA 2368
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1132 AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA 1191

Qy     2369 AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG 2428
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1192 AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG 1251

Qy     2429 CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC 2488
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1252 CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC 1311

Qy     2489 ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAA 2548
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1312 ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAA 1371

Qy     2549 TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG 2608
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1372 TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG 1431

Qy     2609 AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT 2668
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1432 AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT 1491

Qy     2669 GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCC 2728
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1492 GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCC 1551

Qy     2729 AGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCC 2788
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1552 AGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCC 1611

Qy     2789 AAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCC 2848
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1612 AAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCC 1671

Qy     2849 AACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTT 2908
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1672 AACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTT 1731

Qy     2909 TTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAG 2968
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1732 TTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAG 1791

Qy     2969 CCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGA 3028
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1792 CCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGA 1851

Qy     3029 AAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAG 3088
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1852 AAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAG 1911
```

```
Qy    3089 CACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCC 3148
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1912 CACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCC 1971

Qy    3149 TCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAG 3208
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1972 TCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAG 2031

Qy    3209 CAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAG 3268
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2032 CAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAG 2091

Qy    3269 AGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTG 3328
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2092 AGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTG 2151

Qy    3329 AAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACA 3388
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2152 AAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACA 2211

Qy    3389 TAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCAC 3448
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2212 TAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCAC 2271

Qy    3449 CATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTA 3508
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2272 CATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTA 2331

Qy    3509 AGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAG 3568
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2332 AGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAG 2391

Qy    3569 GCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTAC 3628
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2392 GCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTAC 2451

Qy    3629 ATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGC 3688
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2452 ATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGC 2511

Qy    3689 TGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGC 3748
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2512 TGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGC 2571

Qy    3749 TTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGC 3808
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2572 TTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGC 2631

Qy    3809 CAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGG 3868
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2632 CAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGG 2691

Qy    3869 CCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTG 3928
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2692 CCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTG 2751

Qy    3929 TGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAG 3988
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2752 TGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAG 2811
```

```
Qy    3989  ACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGC  4048
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2812  ACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGC  2871

Qy    4049  GGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGA  4108
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2872  GGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGA  2931

Qy    4109  AGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGC  4168
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2932  AGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGC  2991

Qy    4169  AAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAAT  4228
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2992  AAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAAT  3051

Qy    4229  CACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGA  4288
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3052  CACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGA  3111

Qy    4289  AACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTT  4348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3112  AACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTT  3171

Qy    4349  CATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTT  4408
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3172  CATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTT  3231

Qy    4409  TATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTA  4468
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3232  TATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTA  3291

Qy    4469  ACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGC  4528
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3292  ACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGC  3351

Qy    4529  AGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAG  4588
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3352  AGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAG  3411

Qy    4589  ACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAAC  4648
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3412  ACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAAC  3471

Qy    4649  TACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAG  4708
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3472  TACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAG  3531

Qy    4709  AATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGA  4768
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3532  AATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGA  3591

Qy    4769  CAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGC  4828
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3592  CAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGC  3651

Qy    4829  TGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGAC  4888
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3652  TGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGAC  3711

Qy    4889  TGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGG  4948
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3712  TGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGG  3771

Qy    4949  AAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAAC  5008
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3772  AAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAAC  3831

Qy    5009  TTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGC  5068
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3832  TTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGC  3891

Qy    5069  AGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACC  5128
                 |||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3892  AGATGTCTAAACATAAAACCGAACTACAGAATATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACC  3951

Qy    5129  ATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTC  5188
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3952  ATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTC  4011

Qy    5189  AGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGC  5248
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4012  AGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGC  4071

Qy    5249  AGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAAC  5308
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4072  AGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAAC  4131

Qy    5309  GAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGG  5368
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4132  GAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGG  4191

Qy    5369  AAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTT  5428
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4192  AAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTT  4251

Qy    5429  TAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGA  5488
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db    4252  TAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAATCAAACTTAGAAAAGTTGGATTTGA  4311

Qy    5489  ATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATA  5548
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4312  ATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATA  4371

Qy    5549  ACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGC  5608
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4372  ACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGC  4431

Qy    5609  AGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACA  5668
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4432  AGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACA  4491

Qy    5669  CCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTG  5728
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4492  CCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTG  4551

Qy    5729  AATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTC  5788
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4552  AATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTC  4611

Qy    5789  AAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGT  5848
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      4612 AAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGT 4671

Qy      5849 TTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGA 5908
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4672 TTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGA 4731

Qy      5909 CACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGG 5968
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4732 CACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGG 4791

Qy      5969 ACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGG 6028
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4792 ACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGG 4851

Qy      6029 AGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAA 6088
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4852 AGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAA 4911

Qy      6089 GGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATT 6148
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4912 GGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATT 4971

Qy      6149 CTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTG 6208
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4972 CTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTG 5031

Qy      6209 AGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAA 6268
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5032 AGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAA 5091

Qy      6269 ACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAAC 6328
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5092 ACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAAC 5151

Qy      6329 TGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGC 6388
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5152 TGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGC 5211

Qy      6389 AGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGAC 6448
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5212 AGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGAC 5271

Qy      6449 AAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAA 6508
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5272 AAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAA 5331

Qy      6509 CCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTT 6568
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5332 CCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTT 5391

Qy      6569 TGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTA 6628
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5392 TGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTA 5451

Qy      6629 CCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATG 6688
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5452 CCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATG 5511

Qy      6689 AACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGG 6748
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5512 AACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGG 5571
```

```
Qy     6749 CCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGA 6808
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5572 CCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGA 5631

Qy     6809 CAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCA 6868
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5632 CAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCA 5691

Qy     6869 GCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAG 6928
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5692 GCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAG 5751

Qy     6929 AGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAATGCCTCAGCCAGATGA 6978
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5752 AGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAATGCCTCAGCCAGATGA 5801
```

```
RESULT 7
ADQ23084
ID    ADQ23084 standard; DNA; 6244 BP.
XX
AC    ADQ23084;
XX
DT    26-AUG-2004   (first entry)
XX
DE    Human soft tissue sarcoma-upregulated DNA - SEQ ID 5904.
XX
KW    soft tissue sarcoma; cytostatic; gene therapy; vaccine; screening; human;
KW    ds.
XX
OS    Homo sapiens.
XX
PN    WO2004048938-A2.
XX
PD    10-JUN-2004.
XX
PF    26-NOV-2003; 2003WO-US038193.
XX
PR    26-NOV-2002; 2002US-0429739P.
XX
PA    (PROT-) PROTEIN DESIGN LABS INC.
XX
PI    Aziz N,  Ginsburg WM,  Zlotnik A;
XX
DR    WPI; 2004-441208/41.
XX
PT    Early detection of soft tissue sarcoma comprises determining expression
PT    of a gene in a first soft tissue sample and a normal soft tissue sample
PT    and comparing the gene expression, also useful in treating soft tissue
PT    sarcoma.
XX
PS    Example 2; SEQ ID NO 5904; 210pp; English.
XX
CC    The invention relates to a novel method for detecting soft tissue sarcoma
CC    which comprises obtaining a first soft tissue sample from an individual
CC    and a normal soft tissue sample from the same or different individual,
CC    determining the expression of a gene in both samples and comparing the
CC    expression of the gene in both soft tissue samples, where a higher level
CC    of protein expression in the first soft tissue sample indicates the
CC    presence of soft tissue sarcoma. The method of the invention has
```

```
CC   cytostatic applications and may be useful for detecting soft tissue
CC   sarcoma, possibly via gene therapy or vaccine production. The nucleic
CC   acid sequences may be useful in diagnostic and screening applications.
CC   The current sequence is that of a human soft tissue sarcoma-upregulated
CC   DNA of the invention. The current sequence is not shown within the
CC   specification per se but was submitted in CD format by the inventor.
XX
SQ   Sequence 6244 BP; 2271 A; 1206 C; 1524 G; 1193 T; 0 U; 50 Other;

  Query Match           76.0%;   Score 5300.8;   DB 12;   Length 6244;
  Best Local Similarity 98.7%;   Pred. No. 0;
  Matches 5330;  Conservative    0;  Mismatches   52;  Indels   18;  Gaps    1;

Qy      1579 GCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAA 1638
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1 GCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAA 60

Qy      1639 GACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATT 1698
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        61 GACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATT 120

Qy      1699 ATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCT 1758
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       121 ATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCT 180

Qy      1759 AAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCA 1818
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       181 AAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCA 240

Qy      1819 AATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGG 1878
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       241 AATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGG 300

Qy      1879 ACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAA 1938
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       301 ACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAA 360

Qy      1939 GAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTT 1998
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       361 GAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTT 420

Qy      1999 GCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAG 2058
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       421 GCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAG 480

Qy      2059 CAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCT 2118
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       481 CAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCT 540

Qy      2119 GAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTG 2178
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       541 GAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTG 600

Qy      2179 GAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAG 2238
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       601 GAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAG 660

Qy      2239 GAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAA 2298
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       661 GAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAA 720
```

```
Qy    2299  GAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAA  2358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721  GAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAA   780

Qy    2359  CAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCA  2418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781  CAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCA   840

Qy    2419  GAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAA  2478
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841  GAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAA   900

Qy    2479  ATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAA  2538
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901  ATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAA   960

Qy    2539  TTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGA  2598
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961  TTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGA  1020

Qy    2599  AAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTC  2658
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021  AAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTC  1080

Qy    2659  AGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAA  2718
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081  AGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAA  1140

Qy    2719  GCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATG  2778
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141  GCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATG  1200

Qy    2779  GAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGA  2838
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201  GAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGA  1260

Qy    2839  ATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAG  2898
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261  ATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAG  1320

Qy    2899  GAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCT  2958
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321  GAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCT  1380

Qy    2959  GATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGA  3018
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381  GATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGA  1440

Qy    3019  ACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGC  3078
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441  ACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGC  1500

Qy    3079  AGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTG  3138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501  AGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTG  1560

Qy    3139  CAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTA  3198
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561  CAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTA  1620

Qy    3199  GGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGA  3258
```

```
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621  GGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGA  1680

Qy    3259  CAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAA  3318
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681  CAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAA  1740

Qy    3319  GGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAG  3378
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741  GGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAG  1800

Qy    3379  AATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATG  3438
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801  AATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATG  1860

Qy    3439  CCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGT  3498
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861  CCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGT  1920

Qy    3499  GTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGAT  3558
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921  GTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGAT  1980

Qy    3559  GGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGG  3618
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981  GGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGG  2040

Qy    3619  AGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAA  3678
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041  AGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAA  2100

Qy    3679  GAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATG  3738
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101  GAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATG  2160

Qy    3739  TATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCT  3798
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161  TATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCT  2220

Qy    3799  CCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCT  3858
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221  CCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCT  2280

Qy    3859  CCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATC  3918
                  ||||||||||||||              |||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281  CCTGCTGGGGCCCCC------------------CCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATC  2322

Qy    3919  CCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCT  3978
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2323  CCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCT  2382

Qy    3979  AGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGA  4038
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2383  AGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGA  2442

Qy    4039  GCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTT  4098
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2443  GCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTT  2502

Qy    4099  TTGCAAGAGAAGAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAA  4158
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    2503  TTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGNNN  2562

Qy    4159  CGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAA  4218
                     |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2563  NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGGAAATGTAGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAA  2622

Qy    4219  ATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAG  4278
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2623  ATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAG  2682

Qy    4279  ACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAG  4338
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2683  ACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAG  2742

Qy    4339  AGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCC  4398
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2743  AGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCC  2802

Qy    4399  AAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAA  4458
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2803  AAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAA  2862

Qy    4459  ACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAG  4518
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2863  ACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAG  2922

Qy    4519  GATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTA  4578
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2923  GATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTA  2982

Qy    4579  GCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAG  4638
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2983  GCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAG  3042

Qy    4639  CTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAG  4698
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3043  CTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAG  3102

Qy    4699  GTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAA  4758
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3103  GTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAA  3162

Qy    4759  AGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAA  4818
                  ·|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3163  AGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAA  3222

Qy    4819  AAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAA  4878
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3223  AAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAA  3282

Qy    4879  GCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAA  4938
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3283  GCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAA  3342

Qy    4939  TCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGA  4998
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3343  TCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGA  3402

Qy    4999  AAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAGAGGAAGAAAATCTTCAGGTT  5058
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3403  AAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAGAGGAAGAAAATCTTCAGGTT  3462
```

```
Qy   5059 GTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATTCTGGACATGTTGCAA 5118
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3463 GTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATTCTGGACATGTTGCAG 3522

Qy   5119 CTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAAAGGGTATCTGAATTA 5178
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3523 CTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAAAGGGTATCTGAATTA 3582

Qy   5179 GAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAGAATTTGCAGCAGATA 5238
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3583 GAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAGAATTTGCAGCAGATA 3642

Qy   5239 TCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTTGAGAGGGATAAACGA 5298
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3643 TCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTTGAGAGGGATAAACGA 3702

Qy   5299 GAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGTGTTGAGTGTTTGAGC 5358
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3703 GAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGTGTTGAGTGTTTGAGC 3762

Qy   5359 AAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAAAAGTTGGCACAAACC 5418
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3763 AAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAAAAGTTGGCACAAACC 3822

Qy   5419 AAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAATCAAACTTAGAAAAG 5478
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3823 AAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAATCAAACTTAGAAAAG 3882

Qy   5479 TTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTAAACAGAGACAAGTTG 5538
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3883 TTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTAAACAGAGACAAGTTG 3942

Qy   5539 TCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAAAAACGAGAAGCAGTA 5598
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3943 TCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAAAAACGAGAAGCAGTA 4002

Qy   5599 AACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAACCTAGCAAAACAGGAC 5658
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4003 AACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAACCTAGCAAAACAGGAC 4062

Qy   5659 CTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAG 5718
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4063 CTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAG 4122

Qy   5719 GACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAA 5778
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4123 GACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAA 4182

Qy   5779 CAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAA 5838
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4183 CAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAA 4242

Qy   5839 GAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACC 5898
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4243 GAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACC 4302

Qy   5899 AGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAA 5958
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4303 AGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAA 4362
```

```
Qy    5959 AGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTG 6018
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4363 AGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTG 4422

Qy    6019 CAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAG 6078
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4423 CAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAG 4482

Qy    6079 CTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAA 6138
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4483 CTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAA 4542

Qy    6139 GAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGA 6198
           |||||||||||||||||||||||||||            |||||||||||||
Db    4543 GAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTGACAGAAAGA 4602

Qy    6199 AAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAG 6258
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4603 AAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAG 4662

Qy    6259 CTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCA 6318
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4663 CTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCA 4722

Qy    6319 ACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTC 6378
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4723 ACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTC 4782

Qy    6379 AACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTG 6438
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4783 AACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTG 4842

Qy    6439 GAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGAT 6498
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4843 GAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGAT 4902

Qy    6499 GAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTA 6558
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4903 GAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTA 4962

Qy    6559 GAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAAC 6618
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4963 GAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAAC 5022

Qy    6619 CTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCAC 6678
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5023 CTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCAC 5082

Qy    6679 ATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTGCGTCACCGGGAAGAC 6738
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5083 ATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTGCGTCACCGGGAAGAC 5142

Qy    6739 CGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGA 6798
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5143 CGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGA 5202

Qy    6799 AAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAA 6858
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5203 AAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAA 5262

Qy    6859 TTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCT 6918
```

```
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5263  TTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCT 5322

Qy        6919  TCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAATGCCTCAGCCAGATGA 6978
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5323  TCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAATGCCTCAGCCAGATGA 5382
```

RESULT 8
AAL51566
ID   AAL51566 standard; DNA; 5902 BP.
XX
AC   AAL51566;
XX
DT   10-APR-2003   (first entry)
XX
DE   Human nucleic acid-associated protein coding sequence - SEQ ID No 49.
XX
KW   Human; gene; ds; nucleic acid-associated protein; NAAP; arteriosclerosis;
KW   cell proliferative disorder; atherosclerosis; cirrhosis; hepatitis; AIDS;
KW   cancer; developmental disorder; renal tubular acidosis; anaemia; asthma;
KW   mental retardation; neurological disorder; Alzheimer's disease; epilepsy;
KW   Parkinson's disease; autoimmune disorder; inflammatory disorder; allergy;
KW   Crohn's disease; transgenic animal; animal model.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2003000864-A2.
XX
PD   03-JAN-2003.
XX
PF   20-JUN-2002; 2002WO-US021179.
XX
PR   22-JUN-2001; 2001US-0300518P.
PR   29-JUN-2001; 2001US-0301787P.
PR   29-JUN-2001; 2001US-0301792P.
PR   29-JUN-2001; 2001US-0301892P.
PR   29-JUN-2001; 2001US-0301893P.
PR   06-JUL-2001; 2001US-0303405P.
PR   06-JUL-2001; 2001US-0303442P.
PR   15-MAR-2002; 2002US-0364438P.
XX
PA   (INCY-) INCYTE GENOMICS INC.
XX
PI   Gandhi AR, Swarnakar A, Hafalia AJA, Warren BA, Emerling BM;
PI   Arvizu CS, Ison CH, Honchell CD, Lee EA, Yue H, Forsythe IJ;
PI   Ramkumar J, Griffin JA, Yang J, Sanjanwala MM, Baughn MR;
PI   Borowsky ML, Yao MG, Walia NK, Bandman O, Lal PG, Becha SD, Lee SY;
PI   Richardson TW, Elliott VS, Luo W, Tang YT, Zebarjadian Y, Lu Y;
XX
DR   WPI; 2003-201420/19.
DR   P-PSDB; AAO16416.
XX
PT   New nucleic acid-associated proteins and polynucleotides, useful for
PT   diagnosing, treating or preventing cell proliferative (e.g. cancer),
PT   neurological (e.g. epilepsy or Parkinson's disease), or autoimmune
PT   disorders (e.g. AIDS).
XX
PS   Claim 12; Page 286-288; 312pp; English.
XX
CC   The invention comprises the amino acid and coding sequences of human

```
CC    nucleic acid-associated proteins (NAAP). The DNA and protein sequences of
CC    the invention are useful for diagnosing, treating or preventing disorders
CC    associated with aberrant expression of NAAP, such as: cell proliferative
CC    disorders (e.g. arteriosclerosis, atherosclerosis, cirrhosis, hepatitis
CC    or cancer); developmental disorders (e.g. renal tubular acidosis, anaemia
CC    or mental retardation); neurological disorders (e.g. Alzheimer's disease,
CC    Parkinson's disease or epilepsy); and autoimmune/inflammatory disorders
CC    (e.g. AIDS, allergies, asthma or Crohn's disease). The DNA sequences of
CC    the invention are useful for creating transgenic animals to model human
CC    disease. The present DNA sequence encodes a human nucleic acid-associated
CC    protein of the invention
XX
SQ    Sequence 5902 BP; 2088 A; 1130 C; 1486 G; 1198 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match              72.2%;   Score 5034.8;  DB 8;   Length 5902;
  Best Local Similarity    97.3%;   Pred. No. 0;
  Matches 5187;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels  141;  Gaps    1;

Qy      1649 ATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 1708
             | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       165 AGTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 224

Qy      1709 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 1768
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       225 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 284

Qy      1769 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 1828
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       285 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 344

Qy      1829 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 1888
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       345 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 404

Qy      1889 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 1948
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       405 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 464

Qy      1949 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 2008
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       465 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 524

Qy      2009 CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG 2068
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       525 CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG 584

Qy      2069 TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG 2128
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       585 TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG 644

Qy      2129 CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA 2188
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       645 CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA 704

Qy      2189 CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG 2248
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       705 CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG 764

Qy      2249 CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG 2308
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       765 CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG 824
```

```
Qy   2309 AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA 2368
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    825 AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA 884

Qy   2369 AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG 2428
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    885 AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG 944

Qy   2429 CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC 2488
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    945 CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC 1004

Qy   2489 ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAA 2548
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1005 ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAA 1064

Qy   2549 TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG 2608
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1065 TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG 1124

Qy   2609 AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT 2668
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1125 AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT 1184

Qy   2669 GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCC 2728
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1185 GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCC 1244

Qy   2729 AGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCC 2788
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1245 AGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCC 1304

Qy   2789 AAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCC 2848
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1305 AAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCC 1364

Qy   2849 AACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTT 2908
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1365 AACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTT 1424

Qy   2909 TTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAG 2968
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1425 TTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAG 1484

Qy   2969 CCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGA 3028
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1485 CCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGA 1544

Qy   3029 AAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAG 3088
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1545 AAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAG 1604

Qy   3089 CACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCC 3148
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1605 CACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCC 1664

Qy   3149 TCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAG 3208
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1665 TCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAG 1724
```

```
Qy   3209 CAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAG 3268
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1725 CAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAG 1784

Qy   3269 AGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTG 3328
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1785 AGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTG 1844

Qy   3329 AAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACA 3388
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1845 AAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACA 1904

Qy   3389 TAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCAC 3448
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1905 TAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCAC 1964

Qy   3449 CATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTA 3508
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1965 CATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTA 2024

Qy   3509 AGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAG 3568
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2025 AGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAG 2084

Qy   3569 GCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTAC 3628
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2085 GCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTAC 2144

Qy   3629 ATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGC 3688
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2145 ATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGC 2204

Qy   3689 TGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGC 3748
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2205 TGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGC 2264

Qy   3749 TTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGC 3808
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2265 TTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGC 2324

Qy   3809 CAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGG 3868
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2325 CAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGG 2384

Qy   3869 CCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTG 3928
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2385 CCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTG 2444

Qy   3929 TGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAG 3988
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2445 TGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAG 2504

Qy   3989 ACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGC 4048
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2505 ACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGC 2564

Qy   4049 GGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGA 4108
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2565 GGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGA 2624

Qy   4109 AGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGC 4168
```

```
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2625  AGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGC 2684

Qy      4169  AAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAAT 4228
                  ||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2685  AAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTAGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAAT 2744

Qy      4229  CACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGA 4288
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2745  CACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGA 2804

Qy      4289  AACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTT 4348
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2805  AACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTT 2864

Qy      4349  CATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTT 4408
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2865  CATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTT 2924

Qy      4409  TATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTA 4468
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2925  TATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTA 2984

Qy      4469  ACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGC 4528
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2985  ACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGC 3044

Qy      4529  AGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAG 4588
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3045  AGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAG 3104

Qy      4589  ACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAAC 4648
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3105  ACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAAC 3164

Qy      4649  TACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAG 4708
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3165  TACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAG 3224

Qy      4709  AATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGA 4768
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3225  AATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGA 3284

Qy      4769  CAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGC 4828
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3285  CAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGC 3344

Qy      4829  TGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGAC 4888
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3345  TGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGAC 3404

Qy      4889  TGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGG 4948
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3405  TGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGG 3464

Qy      4949  AAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAAC 5008
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3465  AAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAAC 3524

Qy      5009  TTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGC 5068
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    3525 TTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGC 3584

Qy    5069 AGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACC 5128
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3585 AGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACC 3644

Qy    5129 ATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTC 5188
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3645 ATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTC 3704

Qy    5189 AGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGC 5248
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3705 AGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGC 3764

Qy    5249 AGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAAC 5308
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3765 AGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAAC 3824

Qy    5309 GAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGG 5368
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3825 GAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGG 3884

Qy    5369 AAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTT 5428
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3885 AAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTT 3944

Qy    5429 TAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGA 5488
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3945 TAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGA 4004

Qy    5489 ATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATA 5548
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4005 ATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATA 4064

Qy    5549 ACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGC 5608
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4065 ACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGC 4124

Qy    5609 AGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACA 5668
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4125 AGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACA 4184

Qy    5669 CCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTG 5728
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4185 CCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTG 4244

Qy    5729 AATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTC 5788
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4245 AATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTC 4304

Qy    5789 AAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGT 5848
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4305 AAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGT 4364

Qy    5849 TTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGA 5908
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4365 TTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGA 4424

Qy    5909 CACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGG 5968
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4425 CACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGG 4484
```

```
Qy    5969  ACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGG  6028
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4485  ACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGG  4544

Qy    6029  AGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAA  6088
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4545  AGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAA  4604

Qy    6089  GGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATT  6148
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4605  GGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATT  4664

Qy    6149  CTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTG  6208
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4665  CTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTG  4724

Qy    6209  AGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAA  6268
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4725  AGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAA  4784

Qy    6269  ACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAAC  6328
            |||||||||
Db    4785  ACCTTCTT----------------------------------------------------  4792

Qy    6329  TGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGC  6388

Db    4793  ------------------------------------------------------------  4792

Qy    6389  AGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGAC  6448
                                                ||||||||||||||||||||||||||
Db    4793  -------------------------ATGGCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGAC  4823

Qy    6449  AAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAA  6508
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4824  AAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAA  4883

Qy    6509  CCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTT  6568
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4884  CCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTT  4943

Qy    6569  TGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTA  6628
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4944  TGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTA  5003

Qy    6629  CCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATG  6688
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5004  CCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATG  5063

Qy    6689  AACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGG  6748
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5064  AACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGG  5123

Qy    6749  CCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGA  6808
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5124  CCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGA  5183

Qy    6809  CAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCA  6868
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5184  CAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCA  5243
```

```
Qy     6869 GCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAG 6928
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5244 GCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAG 5303

Qy     6929 AGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAATGCCTCAGCCAGATGA 6978
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5304 AGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAATGCCTCAGCCAGATGA 5353
```

RESULT 9
ADR07863
ID   ADR07863 standard; cDNA; 3602 BP.
XX
AC   ADR07863;
XX
DT   04-NOV-2004   (first entry)
XX
DE   Full length human cDNA useful for treating neurological disease Seq 1369.
XX
KW   gene; ss; human; oligo-capping method; diagnostic marker; gene therapy;
KW   osteoporosis; neurological disease; Alzheimer's disease;
KW   Parkinson's disease; dementia; short memory; cancer;
KW   sense or motor function; emotional reaction; fear response; panic;
KW   osteopathic; neuroprotective; nootropic; antiparkinsonian; cytostatic;
KW   tranquiliser.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   EP1447413-A2.
XX
PD   18-AUG-2004.
XX
PF   12-FEB-2004; 2004EP-00003145.
XX
PR   14-FEB-2003; 2003JP-00102207.
PR   09-MAY-2003; 2003JP-00131452.
XX
PA   (REAS-) RES ASSOC BIOTECHNOLOGY.
XX
PI   Isogai T, Yamamoto J, Nishikawa T, Isono Y, Sugiyama T, Otsuki T;
PI   Wakamatsu A, Ishii S, Nagai K, Irie R;
XX
DR   WPI; 2004-583265/57.
DR   P-PSDB; ADR09819.
XX
PT   New 1995 cDNA, useful for treating osteoporosis, neurological diseases,
PT   Alzheimer's diseases, Parkinson's diseases, dementia and various cancers.
XX
PS   Claim 1; SEQ ID NO 1369; 2686pp; English.
XX
CC   This invention relates to novel, isolated full length human cDNA
CC   molecules and the encoded proteins thereof. Specifically, it refers to
CC   cDNA clones obtained by an oligo-capping method, where none of these
CC   clones are identical to any known human mRNAs. The present invention
CC   describes an immunoassay to identify agonists and antagonists, as well as
CC   antibodies, antisense molecules and siRNAs that can all be used to bind
CC   to and modulate expression of the cDNA molecules. As such, these
CC   molecules are useful for diagnostic markers or therapeutic targets for
CC   the various diseases or morbid states. In particular, they are useful in
CC   gene therapy for treating osteoporosis, neurological disease, Alzheimer's
CC   disease, Parkinson's disease, dementia, short memory and various cancers,

```
CC    as well as for maintaining equilibrium of sense or motor function, and
CC    for treating emotional reaction, fear response and panic. Accordingly,
CC    they exhibit osteopathic, neuroprotective, nootropic, antiparkinsonian,
CC    cytostatic and tranquiliser activities. This polynucleotide is a full
CC    length human cDNA sequence of the invention. NOTE: This sequence is not
CC    given in the sequence listing of the specification but can be obtained on
CC    CD-ROM from the European Patent Office, Vienna Sub-office.
XX
SQ    Sequence 3602 BP; 1284 A; 712 C; 859 G; 747 T; 0 U; 0 Other;
```

```
   Query Match              51.6%;   Score 3597.4;   DB 13;   Length 3602;
   Best Local Similarity    99.9%;   Pred. No. 0;
   Matches 3598;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy       459 CTTATCATATAACAAAATCAGCAAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAA 518
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4 CTTATCATATAACAAAATCAGCAAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAA 63

Qy       519 GCTTAACCTTGCAGGAAATGAAATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAA 578
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        64 GCTTAACCTTGCAGGAAATGAAATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAA 123

Qy       579 ATCTTTGCGAGTCCTCAATTTGAAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAA 638
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       124 ATCTTTGCGAGTCCTCAATTTGAAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAA 183

Qy       639 GTTGAAACCGCTTCAAGATTTGATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCT 698
             ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       184 GTTGAAACTGCTTCAAGATTTGATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCT 243

Qy       699 TCCTCATTACCTCCAGTTTACCATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCA 758
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       244 TCCTCATTACCTCCAGTTTACCATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCA 303

Qy       759 GCCAGTAACCACTCAGGATAGACAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGA 818
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       304 GCCAGTAACCACTCAGGATAGACAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGA 363

Qy       819 AAGACTGGAAAGAGACCTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACA 878
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       364 AAGACTGGAAAGAGACCTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACA 423

Qy       879 AACAAGGTTCCTTGAGGAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGA 938
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       424 AACAAGGTTCCTTGAGGAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGA 483

Qy       939 GGCCATGTTACAGAAACAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGA 998
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       484 GGCCATGTTACAGAAACAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGA 543

Qy       999 ATTGCTAAAACAGAAGACCATAGAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGA 1058
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       544 ATTGCTAAAACAGAAGACCATAGAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGA 603

Qy      1059 ACAGGAATTGGCCTTTTATAAAATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATC 1118
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       604 ACAGGAATTGGCCTTTTATAAAATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATC 663

Qy      1119 AGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATA 1178
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       664 AGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATA 723
```

```
Qy   1179 CAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGAT 1238
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    724 CAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGAT 783

Qy   1239 CAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACAC 1298
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    784 CAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACAC 843

Qy   1299 ACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACT 1358
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    844 ACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACT 903

Qy   1359 ATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGA 1418
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    904 ATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGA 963

Qy   1419 ATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCT 1478
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    964 ATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCT 1023

Qy   1479 TCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCT 1538
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1024 TCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCT 1083

Qy   1539 GGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGAT 1598
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1084 GGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGAT 1143

Qy   1599 TAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATAT 1658
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1144 TAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATAT 1203

Qy   1659 GAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACA 1718
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1204 GAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACA 1263

Qy   1719 ACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAA 1778
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1264 ACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAA 1323

Qy   1779 GGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGA 1838
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1324 GGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGA 1383

Qy   1839 TTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAAC 1898
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1384 TTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAAC 1443

Qy   1899 TCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATT 1958
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1444 TCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATT 1503

Qy   1959 GACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATAT 2018
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1504 GACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATAT 1563

Qy   2019 GAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATC 2078
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1564 GAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATC 1623
```

```
Qy   2079 TTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAA 2138
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1624 TTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAA 1683

Qy   2139 CCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTAC 2198
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1684 CCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTAC 1743

Qy   2199 CCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAA 2258
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1744 CCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAA 1803

Qy   2259 TGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGC 2318
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1804 TGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGC 1863

Qy   2319 AAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCA 2378
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1864 AAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCA 1923

Qy   2379 GAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGT 2438
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1924 GAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGT 1983

Qy   2439 GGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTC 2498
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1984 GGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTC 2043

Qy   2499 AGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACG 2558
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2044 AGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACG 2103

Qy   2559 CTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGC 2618
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2104 CTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGC 2163

Qy   2619 TCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGC 2678
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2164 TCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGC 2223

Qy   2679 CCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGA 2738
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2224 CCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGA 2283

Qy   2739 GAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTAC 2798
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2284 GAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTAC 2343

Qy   2799 AGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGA 2858
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2344 AGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGA 2403

Qy   2859 GTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGA 2918
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2404 GTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGA 2463

Qy   2919 TAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGA 2978
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2464 TAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGA 2523

Qy   2979 GCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCA 3038
```

```
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2524  GCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCA  2583

Qy      3039  GGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGC  3098
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2584  GGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGC  2643

Qy      3099  CAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAA  3158
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2644  CAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAA  2703

Qy      3159  GGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACA  3218
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2704  GGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACA  2763

Qy      3219  GGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAG  3278
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2764  GGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAG  2823

Qy      3279  GCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTT  3338
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2824  GCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTT  2883

Qy      3339  AGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCAT  3398
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2884  AGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCAT  2943

Qy      3399  GGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAA  3458
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2944  GGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAA  3003

Qy      3459  AGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGC  3518
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3004  AGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGC  3063

Qy      3519  CTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACC  3578
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3064  CTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACC  3123

Qy      3579  TCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTT  3638
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3124  TCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTT  3183

Qy      3639  TCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCA  3698
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3184  TCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCA  3243

Qy      3699  AGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGG  3758
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3244  AGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGG  3303

Qy      3759  TTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAG  3818
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3304  TTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAG  3363

Qy      3819  CCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGT  3878
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3364  CCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGT  3423

Qy      3879  GTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTG  3938
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      3424  GTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTG 3483

Qy      3939  CAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCA 3998
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3484  CAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCA 3543

Qy      3999  GCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGG 4057
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3544  GCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGG 3602
```

RESULT 10
AEF74782
ID   AEF74782 standard; DNA; 3893 BP.
XX
AC   AEF74782;
XX
DT   06-APR-2006   (first entry)
XX
DE   Human polynucleotide #296.
XX
KW   Diagnosis; gene regulation; gene expression;
KW   post traumatic stress disorder; psychiatric disorder; tranquilizer; gene;
KW   ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2006013561-A2.
XX
PD   09-FEB-2006.
XX
PF   02-AUG-2005; 2005WO-IL000824.
XX
PR   02-AUG-2004; 2004US-0592408P.
XX
PA   (YISS) YISSUM RES DEV CO HEBREW UNIV JERUSALEM.
PA   (HADA-) HADASIT MEDICAL RES SERVICES & DEV LTD.
XX
PI   Segman R,   Shalev A,   Goltser T,   Friedman N,   Shefi N,   Kaminski N;
XX
DR   WPI; 2006-145797/15.
XX
PT   New kit comprising 10 and no more than 574 polynucleotides capable of
PT   specifically binding at least one specific polynucleotide sequence,
PT   useful for determining predisposition of a subject to develop PTSD, or
PT   for diagnosing PTSD.
XX
PS   Claim 1; SEQ ID NO 296; 157pp; English.
XX
CC   The invention relates to a kit for determining predisposition of a
CC   subject to developing post-traumatic stress disorder (PTSD) comprising at
CC   least 10 and no more than 574 polynucleotides, where each of the
CC   polynucleotides is capable of specifically binding at least one specific
CC   polynucleotide sequence. The invention also relates to a kit for
CC   diagnosing PTSD in a subject, agents for the manufacture of the kits
CC   cited comprising the polynucleotides cited, and a microarray comprising
CC   at least 10 and no more than 904 oligonucleotides where each of the
CC   oligonucleotides is capable of specifically binding at least one specific
CC   polynucleotide sequence. The kit comprises each of the polynucleotides
CC   selected from an oligonucleotide molecule, a cDNA molecule, a genomic
CC   molecule and an RNA molecule. Each of the polynucleotides is at least 10

```
CC    and no more than 50 nucleic acids in length. Each of the polynucleotides
CC    is bound to a solid support. The kit also comprises at least one reagent
CC    suitable for detecting hybridization of the polynucleotides and at least
CC    one RNA transcript. The kit further comprises packaging materials
CC    packaging the at least one reagent and instructions for using the kit in
CC    determining predisposition of the subject to developing PTSD, or for
CC    diagnosing the disease. The microarray comprises oligonucleotides of at
CC    least 10 and no more than 40 nucleic acids in length. The agent is
CC    capable of regulating an expression level of at least one gene as a
CC    pharmaceutical or for the manufacture of a medicament identified for
CC    preventing PTSD. The kit is useful for determining predisposition of a
CC    subject to developing PTSD or for diagnosing PTSD. This sequence
CC    represents a human polynucleotide of the invention. Note: The sequence
CC    data for this patent did not form part of the printed specification, but
CC    was obtained in electronic format directly from WIPO at
CC    ftp.wipo.int/pub/published_pct_sequences.
XX
SQ    Sequence 3893 BP; 1394 A; 732 C; 901 G; 866 T; 0 U; 0 Other;
```

```
  Query Match              43.1%;   Score 3008.6;   DB 15;   Length 3893;
  Best Local Similarity    99.9%;   Pred. No. 0;
  Matches 3011;  Conservative    0;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy    3964 GAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAA 4023
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     443 GAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAA 502

Qy    4024 GAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCAT 4083
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     503 GAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCAT 562

Qy    4084 AATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACAT 4143
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     563 AATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACAT 622

Qy    4144 AGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTT 4203
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db     623 AGAACTGTCCAGAAACGTCAACGGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTAGAGAGTCTT 682

Qy    4204 ATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATT 4263
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     683 ATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATT 742

Qy    4264 GAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTC 4323
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     743 GAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTC 802

Qy    4324 CTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAA 4383
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     803 CTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAA 862

Qy    4384 AAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAA 4443
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     863 AAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAA 922

Qy    4444 AGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTC 4503
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     923 AGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTC 982

Qy    4504 CAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAA 4563
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     983  CAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAA 1042

Qy    4564  ATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAA 4623
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1043  ATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAA 1102

Qy    4624  AAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAG 4683
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1103  AAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAG 1162

Qy    4684  GATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAG 4743
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1163  GATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAG 1222

Qy    4744  CTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGG 4803
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1223  CTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGG 1282

Qy    4804  CAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAA 4863
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1283  CAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAA 1342

Qy    4864  GCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCAC 4923
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1343  GCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCAC 1402

Qy    4924  ATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTT 4983
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1403  ATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTT 1462

Qy    4984  CAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAA 5043
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1463  CAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAA 1522

Qy    5044  GAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATT 5103
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db    1523  GAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTACAGAATATT 1582

Qy    5104  CTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAA 5163
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1583  CTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAA 1642

Qy    5164  AGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAG 5223
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1643  AGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAG 1702

Qy    5224  AATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTT 5283
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1703  AATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTT 1762

Qy    5284  GAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGT 5343
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1763  GAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGT 1822

Qy    5344  GTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAA 5403
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1823  GTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAA 1882

Qy    5404  AAGTTGGCACAAACCAAAAGGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAA 5463
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1883  AAGTTGGCACAAACCAAAAGGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAA 1942
```

```
Qy    5464 TCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTA 5523
           |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1943 TCAAACTTAGAAAAGTTGGATTTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTA 2002

Qy    5524 AACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAA 5583
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2003 AACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAA 2062

Qy    5584 AAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAAC 5643
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2063 AAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAAC 2122

Qy    5644 CTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAG 5703
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2123 CTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAG 2182

Qy    5704 ACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAA 5763
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2183 ACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAA 2242

Qy    5764 GAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTC 5823
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2243 GAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTC 2302

Qy    5824 AAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAA 5883
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2303 AAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAA 2362

Qy    5884 AGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAA 5943
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2363 AGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAA 2422

Qy    5944 TTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAG 6003
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2423 TTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAG 2482

Qy    6004 CGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCC 6063
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2483 CGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCC 2542

Qy    6064 CAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTG 6123
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2543 CAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTG 2602

Qy    6124 TTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAG 6183
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2603 TTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAG 2662

Qy    6184 TTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAG 6243
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2663 TTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAG 2722

Qy    6244 ATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATA 6303
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2723 ATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATA 2782

Qy    6304 CAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGC 6363
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2783 CAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGC 2842
```

```
Qy      6364 CTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCA 6423
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2843 CTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCA 2902

Qy      6424 AACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAA 6483
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2903 AACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAA 2962

Qy      6484 TCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAA 6543
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2963 TCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAA 3022

Qy      6544 CTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAACCTAGAAGGAGAATTGGAA 6603
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3023 CTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAACCTAGAAGGAGAATTGGAA 3082

Qy      6604 AGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAAC 6663
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3083 AGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAAC 3142

Qy      6664 TTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTG 6723
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3143 TTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTG 3202

Qy      6724 CGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAA 6783
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3203 CGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAA 3262

Qy      6784 GTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTA 6843
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3263 GTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTA 3322

Qy      6844 GATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTG 6903
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3323 GATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTG 3382

Qy      6904 TCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAAT 6963
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3383 TCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAAT 3442

Qy      6964 GCCTCAGCCAGATGA 6978
             |||||||||||||||
Db      3443 GCCTCAGCCAGATGA 3457
```

```
RESULT 11
ADM03364
ID   ADM03364 standard; cDNA; 3044 BP.
XX
AC   ADM03364;
XX
DT   20-MAY-2004   (first entry)
XX
DE   Human cDNA of the invention SEQ ID NO:2049.
XX
KW   ss; gene; human; gene therapy; diagnostic marker; pharmaceutical.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   EP1347046-A1.
XX
```

```
PD    24-SEP-2003.
XX
PF    12-APR-2002; 2002EP-00008400.
XX
PR    22-MAR-2002; 2002JP-00137785.
XX
PA    (REAS-) RES ASSOC BIOTECHNOLOGY.
XX
PI    Isogai T,  Sugiyama T,  Otsuki T,  Wakamatsu A,  Sato H,  Ishii S;
PI    Yamamoto J,  Isono Y,  Hio Y,  Otsuka K,  Nagai K,  Irie R,  Tamechika I;
PI    Seki N,  Yoshikawa T,  Otsuka M,  Nagahari K,  Masuho Y;
XX
DR    WPI; 2003-723558/69.
DR    P-PSDB; ADM05807.
XX
PT    New polynucleotides and polypeptides are useful in gene therapy, for
PT    developing a diagnostic marker or medicines for regulating their
PT    expression and activity, or as a target of gene therapy.
XX
PS    Claim 1; SEQ ID NO 2049; 305pp; English.
XX
CC    The invention relates to a novel human polynucleotide and the encoded
CC    polypeptide. A polynucleotide of the invention may have a use in gene
CC    therapy. An oligonucleotide of the invention ADM06202-ADM06773 is useful
CC    as a primer for synthesizing the polynucleotide or as a probe for
CC    detecting the polynucleotide. The polynucleotides ADM01316-ADM03758 are
CC    useful in gene therapy, for developing a diagnostic marker or medicines
CC    for regulating their expression and activity, or as a target of gene
CC    therapy. The proteins ADM03759-ADM06201 encoded by the polynucleotides
CC    are useful as pharmaceutical agents. The present sequence represents a
CC    cDNA sequence of the invention.
XX
SQ    Sequence 3044 BP; 1050 A; 624 C; 735 G; 635 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match               41.2%;   Score 2873.6;   DB 11;   Length 3044;
  Best Local Similarity     99.9%;   Pred. No. 0;
  Matches 2876;  Conservative    0;   Mismatches    4;   Indels    0;   Gaps    0;

Qy      1093 TTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAA 1152
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1 TTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAA 60

Qy      1153 AGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATT 1212
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        61 AGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATT 120

Qy      1213 ATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAAT 1272
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       121 ATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAAT 180

Qy      1273 GATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAA 1332
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       181 GATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAA 240

Qy      1333 AAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAA 1392
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       241 AAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAA 300

Qy      1393 CAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAA 1452
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       301 CAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAA 360
```

```
Qy   1453 AAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTT 1512
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 AAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTT 420

Qy   1513 GTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAG 1572
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 GTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAG 480

Qy   1573 GAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGAT 1632
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 GAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGAT 540

Qy   1633 TCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTT 1692
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 TCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTT 600

Qy   1693 GACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGA 1752
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 GACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGA 660

Qy   1753 ATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATA 1812
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 ATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATA 720

Qy   1813 GCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATAC 1872
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 GCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATAC 780

Qy   1873 CTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGAT 1932
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 CTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGAT 840

Qy   1933 GAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAA 1992
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 GAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAA 900

Qy   1993 ATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTC 2052
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 ATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTC 960

Qy   2053 CAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTAT 2112
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 CAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTAT 1020

Qy   2113 GAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAA 2172
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAA 1080

Qy   2173 GAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTT 2232
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTT 1140

Qy   2233 GAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAG 2292
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 GAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAG 1200

Qy   2293 GAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTG 2352
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 GAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTG 1260
```

```
Qy   2353 TTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTT 2412
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTT 1320

Qy   2413 CGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACT 2472
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 CGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACT 1380

Qy   2473 GGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAG 2532
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 GGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAG 1440

Qy   2533 AAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGA 2592
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 AAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGA 1500

Qy   2593 GAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAA 2652
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 GAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAA 1560

Qy   2653 GAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAA 2712
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 GAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAA 1620

Qy   2713 CATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAA 2772
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 CATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAA 1680

Qy   2773 AGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAG 2832
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAG 1740

Qy   2833 GAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAA 2892
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 GAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAA 1800

Qy   2893 TCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCC 2952
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 TCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCC 1860

Qy   2953 ACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTT 3012
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 ACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTT 1920

Qy   3013 CATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGG 3072
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 CATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGG 1980

Qy   3073 TTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAA 3132
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAA 2040

Qy   3133 CTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACA 3192
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACA 2100

Qy   3193 GGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATG 3252
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 GGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATG 2160

Qy   3253 GAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGAC 3312
```

```
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2161  GAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGAC 2220

Qy      3313  AACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCT 3372
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2221  AACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCT 2280

Qy      3373  TATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTAC 3432
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2281  TATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTAC 2340

Qy      3433  TTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGAC 3492
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2341  TTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGAC 2400

Qy      3493  TCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAG 3552
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2401  TCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAG 2460

Qy      3553  CAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCC 3612
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2461  CAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCC 2520

Qy      3613  ATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGT 3672
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2521  ATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGT 2580

Qy      3673  CAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATAC 3732
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2581  CAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATAC 2640

Qy      3733  ATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCA 3792
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2641  ATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCA 2700

Qy      3793  CCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGC 3852
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2701  CCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGC 2760

Qy      3853  CCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCC 3912
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2761  CCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCC 2820

Qy      3913  TTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAA 3972
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | ||| |
Db      2821  TTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGTAAGTGGA 2880
```

RESULT 12
AEC86294
ID   AEC86294 standard; cDNA; 3044 BP.
XX
AC   AEC86294;
XX
DT   01-DEC-2005   (first entry)
XX
DE   Human cDNA clone TESTI20305540, SEQ ID 2049.
XX
KW   Osteopathic; Cytostatic; Antiinflammatory; Gastrointestinal-Gen.;
KW   Antiulcer; Gene Therapy; Osteoporosis; cancer; inflammation; gastritis;
KW   stomach ulcer; gastrointestinal ulcer; gene; ss.

```
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   EP1580263-A1.
XX
PD   28-SEP-2005.
XX
PF   12-APR-2002; 2004EP-00027348.
XX
PR   22-MAR-2002; 2002JP-00137785.
PR   12-APR-2002; 2002EP-00008400.
XX
PA   (REAS-) RES ASSOC BIOTECHNOLOGY.
XX
PI   Isogai T,  Sugiyama T,  Otsuki T,  Wakamatsu A,  Sato H,  Ishii S;
PI   Yamamoto J,  Isono Y,  Hio Y,  Otsuka K,  Nagai K,  Irie R,  Tamechika I;
PI   Seki N,  Yoshikawa T,  Otsuka M,  Nagahari K,  Masuho Y;
XX
DR   WPI; 2005-667421/69.
DR   P-PSDB; AEC88737.
XX
PT   New full-length cDNA sequences, useful for treating diseases, e.g.
PT   osteoporosis, cancer, inflammation, gastritis, or gastroduodenal ulcer.
XX
PS   Example 3; SEQ ID NO 2049; 296pp; English.
XX
CC   The present invention relates to novel human cDNAs (AEC84246-AEC86688)
CC   encoding proteins AEC86689-AEC89131. The cDNAs are useful for analyzing
CC   the functions of the proteins, and for developing medicines for diseases
CC   e.g. osteoporosis, cancer, inflammation, gastritis, or gastroduodenal
CC   ulcer. Note: The sequence data for this patent did not form part of the
CC   printed specification but was obtained in electronic format directly from
CC   EPO.
XX
SQ   Sequence 3044 BP; 1050 A; 624 C; 735 G; 635 T; 0 U; 0 Other;

     Query Match              41.2%;   Score 2873.6;   DB 14;   Length 3044;
     Best Local Similarity   99.9%;   Pred. No. 0;
     Matches 2876;  Conservative    0;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1093 TTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAA 1152
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1 TTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAA 60

Qy      1153 AGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATT 1212
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        61 AGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATT 120

Qy      1213 ATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAAT 1272
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       121 ATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAAT 180

Qy      1273 GATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAA 1332
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       181 GATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAA 240

Qy      1333 AAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAA 1392
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       241 AAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAA 300

Qy      1393 CAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAA 1452
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301   CAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAA  360

Qy   1453   AAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTT  1512
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361   AAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTT  420

Qy   1513   GTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAG  1572
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421   GTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAG  480

Qy   1573   GAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGAT  1632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481   GAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGAT  540

Qy   1633   TCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTT  1692
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541   TCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTT  600

Qy   1693   GACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGA  1752
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601   GACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGA  660

Qy   1753   ATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATA  1812
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661   ATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATA  720

Qy   1813   GCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATAC  1872
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721   GCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATAC  780

Qy   1873   CTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGAT  1932
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781   CTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGAT  840

Qy   1933   GAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAA  1992
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841   GAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAA  900

Qy   1993   ATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTC  2052
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901   ATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTC  960

Qy   2053   CAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTAT  2112
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961   CAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTAT  1020

Qy   2113   GAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAA  2172
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021   GAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAA  1080

Qy   2173   GAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTT  2232
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081   GAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTT  1140

Qy   2233   GAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAG  2292
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141   GAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAG  1200

Qy   2293   GAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTG  2352
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   1201 GAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTG 1260

Qy   2353 TTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTT 2412
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||·
Db   1261 TTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTT 1320

Qy   2413 CGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACT 2472
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 CGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACT 1380

Qy   2473 GGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAG 2532
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 GGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAG 1440

Qy   2533 AAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGA 2592
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 AAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGA 1500

Qy   2593 GAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAA 2652
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 GAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAA 1560

Qy   2653 GAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAA 2712
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 GAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAA 1620

Qy   2713 CATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAA 2772
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 CATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAA 1680

Qy   2773 AGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAG 2832
          ||||||||||||.|||||||||||||||||||||||||||||||·|||||||||||||||
Db   1681 AGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAG 1740

Qy   2833 GAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAA 2892
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 GAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAA 1800

Qy   2893 TCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCC 2952
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||·||||||||||
Db   1801 TCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCC 1860

Qy   2953 ACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTT 3012
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 ACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTT 1920

Qy   3013 CATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGG 3072
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 CATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGG 1980

Qy   3073 TTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAA 3132
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAA 2040

Qy   3133 CTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACA 3192
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACA 2100

Qy   3193 GGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATG 3252
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 GGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATG 2160
```

```
Qy    3253 GAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGAC 3312
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 GAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGAC 2220

Qy    3313 AACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCT 3372
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 AACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCT 2280

Qy    3373 TATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTAC 3432
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 TATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTAC 2340

Qy    3433 TTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGAC 3492
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 TTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGAC 2400

Qy    3493 TCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAG 3552
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2401 TCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAG 2460

Qy    3553 CAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCC 3612
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2461 CAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCC 2520

Qy    3613 ATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGT 3672
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 ATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGT 2580

Qy    3673 CAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATAC 3732
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 CAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATAC 2640

Qy    3733 ATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCA 3792
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 ATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCA 2700

Qy    3793 CCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGC 3852
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 CCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGC 2760

Qy    3853 CCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCC 3912
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 CCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCC 2820

Qy    3913 TTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAA 3972
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |  || |
Db    2821 TTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGTAAGTGGA 2880
```

```
RESULT 13
ADB61898
ID    ADB61898 standard; cDNA; 2631 BP.
XX
AC    ADB61898;
XX
DT    04-DEC-2003  (first entry)
XX
DE    Human cDNA encoding clone ASTR020090680.
XX
KW    Human; ss; gene; pharmaceutical; diagnostic; gene therapy;
```

```
KW    tissue regeneration; cell regeneration; membrane protein;
KW    signal transduction-related protein; transcription-related protein;
KW    osteoporosis; neurological disease; cancer; tumour.
XX
OS    Homo sapiens.
XX
FH    Key            Location/Qualifiers
FT    CDS            1221. .2631
FT                   /*tag=  a
FT                   /partial
FT                   /product= "Clone ASTR020090680 protein"
XX
PN    EP1308459-A2.
XX
PD    07-MAY-2003.
XX
PF    28-MAR-2002; 2002EP-00007401.
XX
PR    05-NOV-2001; 2001JP-00379298.
PR    25-JAN-2002; 2002US-00350978.
XX
PA    (HELI-) HELIX RES INST.
PA    (REAS-) RES ASSOC BIOTECHNOLOGY.
XX
PI    Isogai T,  Sugiyama T,  Otsuki T,  Wakamatsu A,  Sato H,  Ishii S;
PI    Yamamoto J,  Isono Y,  Hio Y,  Otsuka K,  Nagai K,  Irie R,  Tamechika I;
PI    Seki N,  Yoshikawa T,  Otsuka M,  Nagahari K,  Masuho Y;
XX
DR    WPI; 2003-450961/43.
DR    P-PSDB; ADB63868.
XX
PT    New polynucleotides and polypeptides, useful for developing a diagnostic
PT    marker or medicines for regulation of their expression and activity, or
PT    as targets of gene therapy.
XX
PS    Claim 1; Page; 222pp; English.
XX
CC    The invention discloses a polynucleotide comprising a sequence selected
CC    from 1970 fully defined nucleotide sequences which encode novel
CC    polypeptides. Also claimed is a polypeptide encoded by the polynucleotide
CC    or its partial peptide, an antibody binding to the polypeptide or peptide
CC    of the polynucleotide, immunologically assaying the polypeptide or
CC    peptide of the polynucleotide by contacting the polypeptide or peptide
CC    with the antibody of the encoded protein, and observing the binding
CC    between the two, a transformant carrying the polynucleotide in an
CC    expressible manner and an antisense polynucleotide. The oligonucleotide
CC    is useful as a primer for synthesising the polynucleotide, or as a probe
CC    for detecting the polynucleotide. The polynucleotides and encoded
CC    proteins are useful as pharmaceutical agents and many disease-related
CC    genes may be included in them, for developing a diagnostic marker or
CC    medicines for regulation of their expression and activity, or as targets
CC    of gene therapy. The genes are involved in tissue and/or cell
CC    regeneration. Membrane proteins, signal transduction-related proteins,
CC    transcription-related proteins, disease-related proteins and genes
CC    encoding them can be used as indicators for diseases (e.g. osteoporosis,
CC    neurological diseases, cancer, tumours. The cDNA may be used to regulate
CC    the activity or expression of the encoded protein to treat diseases. The
CC    sequence presented is a cDNA of the invention. Note: Some of the sequence
CC    data for this patent is not represented in the printed specification, but
CC    is based on sequence information supplied by the European Patent Office.
XX
```

```
SQ    Sequence 2631 BP; 875 A; 546 C; 676 G; 534 T; 0 U; 0 Other;

   Query Match              34.4%;   Score 2403.2;   DB 10;   Length 2631;
   Best Local Similarity    98.5%;   Pred. No. 0;
   Matches 2446;   Conservative    0;   Mismatches    8;   Indels   28;   Gaps    1;

Qy    1649 ATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 1708
           | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     150 AGTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 209

Qy    1709 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 1768
           ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db     210 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGAGGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 269

Qy    1769 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 1828
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     270 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 329

Qy    1829 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 1888
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     330 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 389

Qy    1889 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 1948
           ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db     390 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCGGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 449

Qy    1949 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 2008
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     450 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 509

Qy    2009 CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG 2068
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     510 CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG 569

Qy    2069 TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG 2128
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     570 TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG 629

Qy    2129 CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA 2188
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     630 CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA 689

Qy    2189 CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG 2248
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     690 CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG 749

Qy    2249 CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG 2308
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     750 CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG 809

Qy    2309 AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA 2368
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     810 AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA 869

Qy    2369 AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG 2428
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     870 AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG 929

Qy    2429 CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC 2488
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     930 CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC 989
```

```
Qy    2489 ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAA 2548
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db     990 ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTGCAGAAACAATTCAGTGAAA 1049

Qy    2549 TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG 2608
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1050 TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG 1109

Qy    2609 AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT 2668
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1110 AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT 1169

Qy    2669 GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGA------------------------ATGAATTTT 2700
           ||||||||||||||||||||||||                        |||||||||
Db    1170 GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAGTAAGACAAGGGCAAGAGGCACCTGGAGATGAATTTT 1229

Qy    2701 GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA 2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1230 GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA 1289

Qy    2761 GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT 2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1290 GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT 1349

Qy    2821 GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT 2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1350 GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT 1409

Qy    2881 GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG 2940
           |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1410 GAAGATGCCAAATCTCAGGGGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG 1469

Qy    2941 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 3000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1470 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 1529

Qy    3001 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 3060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1530 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 1589

Qy    3061 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1590 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 1649

Qy    3121 GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 3180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1650 GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 1709

Qy    3181 ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 3240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1710 ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 1769

Qy    3241 AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 3300
           |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db    1770 AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGGTTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 1829

Qy    3301 ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 3360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1830 ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 1889
```

```
Qy    3361 CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 3420
           ||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1890 CGCGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 1949

Qy    3421 GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 3480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1950 GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 2009

Qy    3481 GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 3540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2010 GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 2069

Qy    3541 CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 3600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2070 CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 2129

Qy    3601 GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 3660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2130 GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 2189

Qy    3661 GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2190 GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 2249

Qy    3721 CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2250 CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 2309

Qy    3781 GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2310 ACCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 2369

Qy    3841 GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 3900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2370 GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 2429

Qy    3901 TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 3960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2430 TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 2489

Qy    3961 TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2490 TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 2549

Qy    4021 GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2550 GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 2609

Qy    4081 CATAATATTGATGATCTTTTGC 4102
           ||||||||||||||||||||||
Db    2610 CATAATATTGATGATCTTTTGC 2631
```

RESULT 14
AAS59821
ID   AAS59821 standard; cDNA; 1888 BP.
XX
AC   AAS59821;
XX
DT   16-JAN-2002 (first entry)
XX

```
DE    Human novel cytokine encoding cDNA 790CIP2B_6 #1.
XX
KW    Human; ss; cytokine; cell proliferation; cell differentiation;
KW    antiinflammatory; stem cell growth factor; activin; inhibin; cancer;
KW    nervous system disease; neuropathy; Alzheimer's disease;
KW    Parkinson's disease; Huntington's disease; spinal cord disorder;
KW    head trauma; stroke; myeloid cell disorder; lymphoid cell disorder;
KW    platelet disorder; thrombocytopaenia; stem cell disorder;
KW    aplastic anaemia; tissue regeneration; wound healing; ulcer;
KW    osteoporosis; osteoarthritis; bone degenerative disorder;
KW    periodontal disease; fibrosis; reperfusion; immune disorder; SCID;
KW    severe combined immunodeficiency; infection; autoimmune disorder;
KW    multiple sclerosis; rheumatoid arthritis; diabetes mellitus; allergy;
KW    asthma; coagulation disorder; haemophilia; sepsis; nephritis;
KW    inflammatory bowel disease; food supplement.
XX
OS    Homo sapiens.
XX
PN    WO200175093-A1.
XX
PD    11-OCT-2001.
XX
PF    30-MAR-2001; 2001WO-US010484.
XX
PR    31-MAR-2000; 2000US-00540217.
PR    23-AUG-2000; 2000US-00649167.
PR    22-SEP-2000; 2000US-00668680.
PR    23-OCT-2000; 2000US-00695618.
PR    30-NOV-2000; 2000US-00728711.
PR    14-MAR-2001; 2001US-00808701.
XX
PA    (HYSE-) HYSEQ INC.
XX
PI    Tang YT,  Asundi V,  Zhou P,  Xue AJ,  Ren F,  Zhang J,  Wang J;
PI    Xu C,  Yang Y,  Zaho QA,  Chen R,  Wang D,  Goodrich RW,  Liu C;
PI    Drmanac RT;
XX
DR    WPI; 2001-626432/72.
DR    P-PSDB; AAU68529.
XX
PT    New polypeptides and nucleic acids, useful for diagnosis, treatment of
PT    inflammatory, autoimmune, neurological, myeloid or lymphoid cell, bone
PT    degenerative disorders, cancer and promoting wound healing.
XX
PS    Claim 1; Page 157-159; 336pp; English.
XX
CC    The invention relates to isolated human polypeptides (which may be
CC    cytokines) and the polynucleotides encoding them. The protein is useful
CC    for identifying a compound which binds to it (e.g. modulators, agonists
CC    and antagonists). The polynucleotides are useful as an array for mismatch
CC    detection. The proteins and nucleic acids are useful as nutritional
CC    sources or supplements. The protein exhibits exhibits activity relating
CC    to cytokine, cell proliferation, cell differentiation, antiinflammatory,
CC    stem cell growth factor activity, immune stimulating or immune
CC    suppressing and activin or inhibin related activities. The proteins (and
CC    antibodies raised against them) and nucleic acids are therefore useful in
CC    the diagnosis and treatment of diseases and disorders such as cancer,
CC    central and peripheral nervous system diseases and neuropathies,
CC    Alzheimer's, Parkinson's disease, Huntington's disease, amyotrophic
CC    lateral sclerosis, spinal cord disorders, head trauma, cerebrovascular
CC    diseases, stroke, myeloid or lymphoid cell disorders, platelet disorders,
```

```
CC    thrombocytopaenia, stem cell disorders, aplastic anaemia, for
CC    regeneration of bone, cartilage, tendon, ligament and/or nerve tissue
CC    growth, and in tissue repair, healing of burns, incisions, ulcers, for
CC    treating osteoporosis, osteoarthritis, bone degenerative disorders, or
CC    periodontal disease, lung or liver fibrosis, reperfusion injury in
CC    various tissues, various immune deficiencies and disorders including
CC    severe combined immunodeficiency (SCID), bacterial or fungal infections,
CC    autoimmune disorders (e.g. multiple sclerosis, rheumatoid arthritis,
CC    diabetes mellitus, myasthenia gravis), allergic reactions and conditions,
CC    such as asthma or other respiratory problems, coagulation disorders,
CC    haemophilia), septic shock, sepsis, arthritis, nephritis and inflammatory
CC    bowel disease, viral infection and are useful in altering bodily
CC    characteristics. The present sequence encodes a novel protein of the
CC    invention
XX
SQ    Sequence 1888 BP; 646 A; 409 C; 407 G; 426 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match               19.1%;  Score 1332.8;  DB 4;  Length 1888;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 1334;  Conservative      0;  Mismatches      2;  Indels      0;  Gaps      0;

Qy        1 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 60
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      450 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 509

Qy       61 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      510 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 569

Qy      121 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      570 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 629

Qy      181 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      630 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 689

Qy      241 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 300
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      690 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 749

Qy      301 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 360
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      750 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 809

Qy      361 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 420
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      810 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 869

Qy      421 GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC 480
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      870 GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC 929

Qy      481 AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA 540
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      930 AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA 989

Qy      541 ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG 600
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      990 ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG 1049
```

```
Qy      601 AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACCGCTTCAAGATTTG 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db     1050 AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACTGCTTCAAGATTTG 1109

Qy      661 ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1110 ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC 1169

Qy      721 ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1170 ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA 1229

Qy      781 CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1230 CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA 1289

Qy      841 AAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT 900
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1290 AAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT 1349

Qy      901 AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1350 AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC 1409

Qy      961 TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1410 TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA 1469

Qy     1021 GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1470 GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA 1529

Qy     1081 ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1530 ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA 1589

Qy     1141 GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1590 GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA 1649

Qy     1201 GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1650 GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA 1709

Qy     1261 CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1710 CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA 1769

Qy     1321 GACAAAGAAAAAAAAA 1336
            ||||||| ||||||||||
Db     1770 GACAAAAAAAAAAAAA 1785
```

RESULT 15
AED08152
ID   AED08152 standard; cDNA; 1888 BP.
XX
AC   AED08152;
XX
DT   17-NOV-2005   (first entry)
XX

```
DE    Human CP140 partial cDNA.
XX
KW    Immune stimulation; gene therapy; drug screening; transgenic animal;
KW    food; inflammation; antiinflammatory; autoimmune disease;
KW    immunosuppressive; immune disorder; autonomic nervous system disease;
KW    cns-gen.; neurological disease; central nervous system disease; leukemia;
KW    cytostatic; hematological disease; neoplasm; gene; ss; CP140 protein.
XX
OS    Homo sapiens.
XX
FH    Key             Location/Qualifiers
FT    CDS             450. .1841
FT                    /*tag=  a
FT                    /product= "Human CP140 protein"
XX
PN    US2005202422-A1.
XX
PD    15-SEP-2005.
XX
PF    08-NOV-2002; 2002US-00291128.
XX
PR    31-MAR-2000; 2000US-00540217.
PR    30-MAR-2001; 2001WO-US010484.
XX
PA    (TANG/) TANG Y T.
PA    (LIUC/) LIU C.
PA    (ASUN/) ASUNDI V.
PA    (CHEN/) CHEN R.
PA    (RENF/) REN F.
PA    (WANG/) WANG D.
PA    (WANG/) WANG J.
PA    (XUCC/) XU C.
PA    (XUEA/) XUE A J.
PA    (YANG/) YANG Y.
PA    (ZHAN/) ZHANG J.
PA    (ZHAO/) ZHAO Q A.
PA    (ZHOU/) ZHOU P.
PA    (GOOD/) GOODRICH R W.
PA    (DRMA/) DRMANAC R T.
XX
PI    Tang YT,  Liu C,  Asundi V,  Chen R,  Ren F,  Wang D,  Wang J,  Xu C;
PI    Xue AJ,  Yang Y,  Zhang J,  Zhao QA,  Zhou P,  Goodrich RW,  Drmanac RT;
XX
DR    WPI; 2005-618089/63.
DR    P-PSDB; AED08195.
XX
PT    New isolated polynucleotides, useful for treating, preventing, or
PT    ameliorating, e.g. Alzheimer's disease, Parkinson's disease, Huntington's
PT    disease, amyotrophic lateral sclerosis, or leukemia.
XX
PS    Claim 1; SEQ ID NO 16; 60pp; English.
XX
CC    The invention relates to polynucleotides and polypeptides capable of
CC    inducing an immune response. The polynucleotides and proteins are useful
CC    for treating, preventing or ameliorating a medical condition, e.g.
CC    Alzheimer's disease, Parkinson's disease, Huntington's disease,
CC    amyotrophic lateral sclerosis, Shy-Drager syndrome or stroke. The
CC    proteins can be used for treating leukemia, inflammatory disorders and
CC    autoimmune disorders, e.g. multiple sclerosis, rheumatoid arthritis,
CC    diabetes, myasthenia gravis or autoimmune inflammatory eye disease. They
CC    can also be used as nutritional sources and supplements, e.g. as a carbon
```

```
CC    source, nitrogen source or carbohydrate source. The sequences of the
CC    invention are also useful in gene therapy, drug screening and in
CC    production of transgenic animals. The present sequence is the human CP140
CC    partial cDNA of the invention. Note: The sequence data for this patent
CC    did not form part of the printed specification, but was obtained in
CC    electronic format directly from USPTO at
CC    seqdata.uspto.gov/sequence.html?DocID=20050202422.
XX
SQ    Sequence 1888 BP; 646 A; 409 C; 407 G; 426 T; 0 U; 0 Other;

   Query Match              19.1%;   Score 1332.8;   DB 14;   Length 1888;
   Best Local Similarity    99.9%;   Pred. No. 0;
   Matches 1334;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         1 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 60
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       450 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 509

Qy        61 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 120
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       510 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 569

Qy       121 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 180
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       570 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 629

Qy       181 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 240
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       630 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 689

Qy       241 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 300
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       690 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 749

Qy       301 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 360
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       750 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 809

Qy       361 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 420
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       810 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 869

Qy       421 GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC 480
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       870 GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC 929

Qy       481 AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA 540
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       930 AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA 989

Qy       541 ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG 600
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       990 ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG 1049

Qy       601 AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACCGCTTCAAGATTTG 660
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db      1050 AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACTGCTTCAAGATTTG 1109

Qy       661 ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC 720
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1110 ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC 1169
```

```
Qy        721 ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1170 ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA 1229

Qy        781 CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1230 CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA 1289

Qy        841 AAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1290 AAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT 1349

Qy        901 AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1350 AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC 1409

Qy        961 TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1410 TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA 1469

Qy       1021 GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1470 GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA 1529

Qy       1081 ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1530 ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA 1589

Qy       1141 GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1590 GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA 1649

Qy       1201 GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1650 GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA 1709

Qy       1261 CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1710 CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA 1769

Qy       1321 GACAAAGAAAAAAAA 1336
              ||||||| ||||||||||
Db       1770 GACAAAAAAAAAAAA 1785
```

Search completed: August 15, 2006, 01:52:00
Job time : 3908 secs

SCORE 1.3   BuildDate: 12/06/2005

```
 SCORE Search Results Details for Application
 10663433 and Search Result us-10-663-433-
                    1.rni.
```

This page gives you Search Results detail for the Application 10663433 and Search Result us-10-663-433-1.rni.

start

```
                        GenCore version 5.1.9
              Copyright (c) 1993 - 2006 Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:            August 15, 2006, 01:43:29 ; Search time 1160 Seconds
                                               (without alignments)
                                               11255.687 Million cell updates/sec

Title:             US-10-663-433-1
Perfect score:     6978
Sequence:          1 atgaagaaaggttctcaaca..........agaatgcctcagccagatga 6978

Scoring table:     IDENTITY_NUC
                   Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:          1403666 seqs, 935554401 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:     2807332

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :         Issued_Patents_NA:*
                   1:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/1_COMB.seq:*
                   2:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/5_COMB.seq:*
                   3:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/6A_COMB.seq:*
                   4:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/6B_COMB.seq:*
                   5:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/7_COMB.seq:*
                   6:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/H_COMB.seq:*
                   7:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/PCTUS_COMB.seq:*
                   8:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/PP_COMB.seq:*
                   9:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/RE_COMB.seq:*
                   10:  /EMC_Celerra_SIDS3/ptodata/2/ina/backfiles1.seq:*

        Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
        score greater than or equal to the score of the result being printed,
        and is derived by analysis of the total score distribution.

                              SUMMARIES
```

	Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
	1	3013.4	43.2	3881	3	US-09-949-016-3905	Sequence 3905, Ap
	2	3008.6	43.1	3893	3	US-09-949-016-908	Sequence 908, App
	3	2403.2	34.4	2631	3	US-10-104-047-52	Sequence 52, Appl
	4	427.8	6.1	499	3	US-09-854-133-333	Sequence 333, App
	5	373.4	5.4	375	2	US-08-743-200-11	Sequence 11, Appl
	6	323.4	4.6	442	3	US-09-513-999C-2604	Sequence 2604, Ap
	7	318.6	4.6	29574	3	US-09-949-016-12650	Sequence 12650, A
	8	318.6	4.6	29574	3	US-09-949-016-15647	Sequence 15647, A
	9	315	4.5	315	2	US-08-743-200-1	Sequence 1, Appli
	10	314.6	4.5	330	2	US-08-743-200-5	Sequence 5, Appli
	11	302.6	4.3	784	4	US-09-297-648-2944	Sequence 2944, Ap
	12	300	4.3	300	4	US-09-297-648-1518	Sequence 1518, Ap
	13	228	3.3	228	2	US-08-743-200-13	Sequence 13, Appl
	14	224.4	3.2	601	3	US-09-949-016-35518	Sequence 35518, A
	15	224.4	3.2	601	3	US-09-949-016-138497	Sequence 138497,
	16	193	2.8	601	3	US-09-949-016-35514	Sequence 35514, A
	17	193	2.8	601	3	US-09-949-016-138493	Sequence 138493,
	18	146	2.1	146	2	US-08-743-200-7	Sequence 7, Appli
	19	141.2	2.0	743	4	US-09-297-648-4538	Sequence 4538, Ap
	20	130	1.9	601	3	US-09-949-016-35513	Sequence 35513, A
	21	130	1.9	601	3	US-09-949-016-138492	Sequence 138492,
	22	113	1.6	113	2	US-08-743-200-9	Sequence 9, Appli
	23	113	1.6	155	3	US-09-513-999C-22227	Sequence 22227, A
c	24	88.6	1.3	7218	2	US-08-232-463-14	Sequence 14, Appl
	25	78.2	1.1	3489	2	US-08-728-323A-1	Sequence 1, Appli
	26	78.2	1.1	3489	3	US-09-298-568-1	Sequence 1, Appli
	27	78.2	1.1	3489	3	US-09-410-399-1	Sequence 1, Appli
	28	78.2	1.1	3489	3	US-09-894-273-1	Sequence 1, Appli
c	29	78.2	1.1	32207	2	US-08-770-379-20	Sequence 20, Appl
c	30	78.2	1.1	32207	3	US-08-757-669A-20	Sequence 20, Appl
c	31	78.2	1.1	32207	3	US-09-230-371A-20	Sequence 20, Appl
	32	68.8	1.0	612	3	US-09-902-540-1357	Sequence 1357, Ap
	33	65	0.9	1039	3	US-09-902-540-1280	Sequence 1280, Ap
	34	64	0.9	918	3	US-09-248-796A-4893	Sequence 4893, Ap
	35	63.8	0.9	920	3	US-09-270-767-10806	Sequence 10806, A
	36	59.6	0.9	2169	3	US-09-434-408-3	Sequence 3, Appli
	37	59	0.8	1298	3	US-09-949-016-4123	Sequence 4123, Ap
	38	56	0.8	614	3	US-09-902-540-1318	Sequence 1318, Ap
	39	54	0.8	54	2	US-08-743-200-3	Sequence 3, Appli
	40	53.4	0.8	1141	3	US-09-806-708B-22	Sequence 22, Appl
	41	52.4	0.8	5893	2	US-08-592-126-54	Sequence 54, Appl
	42	52.4	0.8	5893	2	US-08-687-080-44	Sequence 44, Appl
	43	52.4	0.8	5893	3	US-09-168-595-54	Sequence 54, Appl
	44	52	0.7	32392	3	US-09-662-254B-27	Sequence 27, Appl
	45	51.8	0.7	248	3	US-09-270-767-26275	Sequence 26275, A

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-09-949-016-3905
; Sequence 3905, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
;   TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED

```
;   TITLE OF INVENTION:  WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
;   FILE REFERENCE: CL001307
;   CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
;   CURRENT FILING DATE:  2000-04-14
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
;   PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
;   PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
; . PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
;   PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
;   NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
;   SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 3905
;    LENGTH: 3881
;    TYPE: DNA
;    ORGANISM: Human
US-09-949-016-3905
```

```
  Query Match              43.2%;  Score 3013.4;  DB 3;  Length 3881;
  Best Local Similarity    99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 3014;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy      3964 GAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAA 4023
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       443 GAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAA 502

Qy      4024 GAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCAT 4083
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       503 GAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCAT 562

Qy      4084 AATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACAT 4143
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       563 AATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACAT 622

Qy      4144 AGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTT 4203
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       623 AGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTAGAGAGTCTT 682

Qy      4204 ATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATT 4263
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       683 ATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATT 742

Qy      4264 GAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTC 4323
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       743 GAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTC 802

Qy      4324 CTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAA 4383
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       803 CTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAA 862

Qy      4384 AAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAA 4443
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       863 AAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAA 922

Qy      4444 AGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTC 4503
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       923 AGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTC 982

Qy      4504 CAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAA 4563
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       983 CAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAA 1042
```

```
Qy   4564 ATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAA 4623
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1043 ATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAA 1102

Qy   4624 AAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAG 4683
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1103 AAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAG 1162

Qy   4684 GATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAG 4743
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1163 GATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAG 1222

Qy   4744 CTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGG 4803
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1223 CTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGG 1282

Qy   4804 CAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAA 4863
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1283 CAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAA 1342

Qy   4864 GCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCAC 4923
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1343 GCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCAC 1402

Qy   4924 ATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTT 4983
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1403 ATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTT 1462

Qy   4984 CAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAA 5043
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1463 CAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAA 1522

Qy   5044 GAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATT 5103
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1523 GAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATT 1582

Qy   5104 CTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAA 5163
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1583 CTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAA 1642

Qy   5164 AGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAG 5223
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1643 AGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAG 1702

Qy   5224 AATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTT 5283
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1703 AATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTT 1762

Qy   5284 GAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGT 5343
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1763 GAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGT 1822

Qy   5344 GTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAA 5403
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1823 GTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAA 1882

Qy   5404 AAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAA 5463
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1883 AAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAA 1942
```

```
Qy   5464 TCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTA 5523
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1943 TCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTA 2002

Qy   5524 AACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAA 5583
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2003 AACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAA 2062

Qy   5584 AAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAAC 5643
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2063 AAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAAC 2122

Qy   5644 CTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAG 5703
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2123 CTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAG 2182

Qy   5704 ACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAA 5763
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2183 ACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAA 2242

Qy   5764 GAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTC 5823
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2243 GAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTC 2302

Qy   5824 AAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAA 5883
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2303 AAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAA 2362

Qy   5884 AGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAA 5943
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2363 AGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAA 2422

Qy   5944 TTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAG 6003
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2423 TTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAG 2482

Qy   6004 CGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCC 6063
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2483 CGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCC 2542

Qy   6064 CAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTG 6123
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2543 CAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTG 2602

Qy   6124 TTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAG 6183
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2603 TTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAG 2662

Qy   6184 TTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAG 6243
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2663 TTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAG 2722

Qy   6244 ATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATA 6303
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2723 ATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATA 2782

Qy   6304 CAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGC 6363
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2783 CAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGC 2842

Qy   6364 CTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCA 6423
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2843    CTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCA 2902

Qy   6424    AACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAA 6483
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2903    AACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAA 2962

Qy   6484    TCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAA 6543
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2963    TCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAA 3022

Qy   6544    CTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAACCTAGAAGGAGAATTGGAA 6603
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3023    CTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAACCTAGAAGGAGAATTGGAA 3082

Qy   6604    AGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAAC 6663
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3083    AGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAAC 3142

Qy   6664    TTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTG 6723
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3143    TTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTG 3202

Qy   6724    CGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAA 6783
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3203    CGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAA 3262

Qy   6784    GTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTA 6843
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3263    GTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTA 3322

Qy   6844    GATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTG 6903
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3323    GATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTG 3382

Qy   6904    TCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAAT 6963
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3383    TCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAAT 3442

Qy   6964    GCCTCAGCCAGATGA 6978
             |||||||||||||||
Db   3443    GCCTCAGCCAGATGA 3457
```

RESULT 2
US-09-949-016-908
; Sequence 908, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
;   TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
;   TITLE OF INVENTION: WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
;   FILE REFERENCE: CL001307
;   CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
;   CURRENT FILING DATE: 2000-04-14
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
;   PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
;   PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
;   PRIOR FILING DATE: 2000-09-08

```
;   NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
;   SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
;  SEQ ID NO 908
;     LENGTH: 3893
;     TYPE: DNA
;     ORGANISM: Human
US-09-949-016-908

   Query Match              43.1%;   Score 3008.6;   DB 3;   Length 3893;
   Best Local Similarity   99.9%;   Pred. No. 0;
   Matches 3011;  Conservative    0;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      3964 GAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAA 4023
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       443 GAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAA 502

Qy      4024 GAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCAT 4083
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       503 GAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCAT 562

Qy      4084 AATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACAT 4143
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       563 AATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACAT 622

Qy      4144 AGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTT 4203
             ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       623 AGAACTGTCCAGAAACGTCAACGGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTAGAGAGTCTT 682

Qy      4204 ATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATT 4263
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       683 ATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATT 742

Qy      4264 GAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTC 4323
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       743 GAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTC 802

Qy      4324 CTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAA 4383
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       803 CTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAA 862

Qy      4384 AAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAA 4443
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       863 AAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAA 922

Qy      4444 AGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTC 4503
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       923 AGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTC 982

Qy      4504 CAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAA 4563
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       983 CAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAA 1042

Qy      4564 ATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAA 4623
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1043 ATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAA 1102

Qy      4624 AAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAG 4683
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1103 AAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAG 1162

Qy      4684 GATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAG 4743
```

```
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1163 GATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAG 1222

Qy   4744 CTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGG 4803
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1223 CTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGG 1282

Qy   4804 CAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAA 4863
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1283 CAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAA 1342

Qy   4864 GCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCAC 4923
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1343 GCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCAC 1402

Qy   4924 ATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTT 4983
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1403 ATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTT 1462

Qy   4984 CAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAA 5043
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1463 CAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAA 1522

Qy   5044 GAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATT 5103
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||| 
Db   1523 GAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTACAGAATATT 1582

Qy   5104 CTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAA 5163
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1583 CTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAA 1642

Qy   5164 AGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAG 5223
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1643 AGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAG 1702

Qy   5224 AATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTT 5283
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1703 AATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTT 1762

Qy   5284 GAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGT 5343
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1763 GAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGT 1822

Qy   5344 GTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAA 5403
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1823 GTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAA 1882

Qy   5404 AAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAA 5463
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1883 AAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAA 1942

Qy   5464 TCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTA 5523
         |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1943 TCAAACTTAGAAAAGTTGGATTTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTA 2002

Qy   5524 AACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAA 5583
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2003 AACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAA 2062

Qy   5584 AAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAAC 5643
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     2063 AAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAAC 2122

Qy     5644 CTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAG 5703
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2123 CTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAG 2182

Qy     5704 ACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAA 5763
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2183 ACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAA 2242

Qy     5764 GAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTC 5823
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2243 GAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTC 2302

Qy     5824 AAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAA 5883
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2303 AAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAA 2362

Qy     5884 AGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAA 5943
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2363 AGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAA 2422

Qy     5944 TTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAG 6003
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2423 TTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAG 2482

Qy     6004 CGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCC 6063
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2483 CGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCC 2542

Qy     6064 CAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTG 6123
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2543 CAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTG 2602

Qy     6124 TTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAG 6183
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2603 TTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAG 2662

Qy     6184 TTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAG 6243
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2663 TTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAG 2722

Qy     6244 ATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATA 6303
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2723 ATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATA 2782

Qy     6304 CAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGC 6363
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2783 CAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGC 2842

Qy     6364 CTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCA 6423
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2843 CTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCA 2902

Qy     6424 AACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAA 6483
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2903 AACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAA 2962

Qy     6484 TCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAA 6543
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2963 TCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAA 3022
```

```
Qy      6544 CTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAA 6603
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3023 CTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAA 3082

Qy      6604 AGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAAC 6663
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3083 AGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAAC 3142

Qy      6664 TTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTG 6723
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3143 TTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTG 3202

Qy      6724 CGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAA 6783
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3203 CGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAA 3262

Qy      6784 GTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTA 6843
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3263 GTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTA 3322

Qy      6844 GATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTG 6903
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3323 GATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTG 3382

Qy      6904 TCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAAT 6963
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3383 TCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAAT 3442

Qy      6964 GCCTCAGCCAGATGA 6978
             |||||||||||||||
Db      3443 GCCTCAGCCAGATGA 3457
```

```
RESULT 3
US-10-104-047-52
; Sequence 52, Application US/10104047
; Patent No. 6943241
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: HELIX RESEARCH INSTITUTE
;   TITLE OF INVENTION: No. 6943241el full length cDNA
;   FILE REFERENCE: H1-A0105
;   CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/104,047
;   CURRENT FILING DATE:  2002-03-25
;   PRIOR APPLICATION NUMBER:
;   PRIOR FILING DATE:
;   NUMBER OF SEQ ID NOS: 4096
;   SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 52
;    LENGTH: 2631
;    TYPE: DNA
;    ORGANISM: Homo sapiens
US-10-104-047-52

  Query Match            34.4%;   Score 2403.2;  DB 3;   Length 2631;
  Best Local Similarity  98.5%;   Pred. No. 0;
  Matches 2446;  Conservative    0;  Mismatches   8;  Indels   28;  Gaps    1;

Qy      1649 ATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 1708
             | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       150 AGTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 209
```

```
Qy   1709 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 1768
          |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db    210 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGAGGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 269

Qy   1769 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 1828
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    270 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 329

Qy   1829 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 1888
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    330 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 389

Qy   1889 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 1948
          |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db    390 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCGGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 449

Qy   1949 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 2008
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    450 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 509

Qy   2009 CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG 2068
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    510 CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG 569

Qy   2069 TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG 2128
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    570 TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG 629

Qy   2129 CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA 2188
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    630 CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA 689

Qy   2189 CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG 2248
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    690 CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG 749

Qy   2249 CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG 2308
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    750 CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG 809

Qy   2309 AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA 2368
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    810 AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA 869

Qy   2369 AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG 2428
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    870 AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG 929

Qy   2429 CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC 2488
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    930 CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC 989

Qy   2489 ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAA 2548
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db    990 ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTGCAGAAACAATTCAGTGAAA 1049

Qy   2549 TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG 2608
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1050 TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG 1109
```

```
Qy   2609 AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT 2668
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1110 AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT 1169

Qy   2669 GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGA-----------------------------ATGAATTTT 2700
          ||||||||||||||||||||||||                           |||||||||
Db   1170 GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAGTAAGACAAGGGCAAGAGGCACCTGGAGATGAATTTT 1229

Qy   2701 GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1230 GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA 1289

Qy   2761 GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1290 GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT 1349

Qy   2821 GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1350 GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT 1409

Qy   2881 GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG 2940
          ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1410 GAAGATGCCAAATCTCAGGGGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG 1469

Qy   2941 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1470 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 1529

Qy   3001 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1530 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 1589

Qy   3061 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1590 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 1649

Qy   3121 GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1650 GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 1709

Qy   3181 ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1710 ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 1769

Qy   3241 AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 3300
          |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db   1770 AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGGTTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 1829

Qy   3301 ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1830 ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 1889

Qy   3361 CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 3420
          || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1890 CGCGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 1949

Qy   3421 GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1950 GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 2009

Qy   3481 GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 3540
```

```
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2010    GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 2069

Qy     3541    CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 3600
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2070    CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 2129

Qy     3601    GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 3660
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2130    GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 2189

Qy     3661    GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3720
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2190    GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 2249

Qy     3721    CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3780
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2250    CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 2309

Qy     3781    GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3840
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2310    ACCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 2369

Qy     3841    GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 3900
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2370    GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 2429

Qy     3901    TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 3960
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2430    TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 2489

Qy     3961    TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4020
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2490    TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 2549

Qy     4021    GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4080
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2550    GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 2609

Qy     4081    CATAATATTGATGATCTTTTGC 4102
               ||||||||||||||||||||||
Db     2610    CATAATATTGATGATCTTTTGC 2631
```

```
RESULT 4
US-09-854-133-333
; Sequence 333, Application US/09854133
; Patent No. 6759508
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Lodes, Michael J.
;  APPLICANT:  Mohamath, Raodoh
;  APPLICANT:  Henderson, Robert A.
;  APPLICANT:  Benson, Darin R.
;  APPLICANT:  Secrist, Heather
;  TITLE OF INVENTION: COMPOSITIONS AND METHODS FOR
;  TITLE OF INVENTION:  THE THERAPY AND DIAGNOSIS OF LUNG CANCER
;  FILE REFERENCE: 210121.475C10
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/854,133
;  CURRENT FILING DATE:  2001-05-11
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 735
;  SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 3.0
```

```
; SEQ ID NO 333
;   LENGTH: 499
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapien
US-09-854-133-333

   Query Match              6.1%;  Score 427.8;  DB 3;  Length 499;
   Best Local Similarity   99.5%;  Pred. No. 1.4e-93;
   Matches  429;  Conservative   0;  Mismatches   2;  Indels   0;  Gaps   0;

Qy        1 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 60
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       69 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 128

Qy       61 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      129 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 188

Qy      121 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db      189 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAGTTGAGATTGCAGAT 248

Qy      181 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      249 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 308

Qy      241 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 300
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      309 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 368

Qy      301 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 360
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      369 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 428

Qy      361 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 420
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      429 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 488

Qy      421 GAAAAGTTGGA 431
            ||||||| |||
Db      489 GAAAAGTCGGA 499


RESULT 5
US-08-743-200-11
; Sequence 11, Application US/08743200
; Patent No. 5861260
;   GENERAL INFORMATION:
;     APPLICANT:  Doxsey, Stephen J.
;     TITLE OF INVENTION:  DIAGNOSTIC METHODS FOR SCREENING
;     TITLE OF INVENTION:  PATIENTS FOR SCLERODERMA
;     NUMBER OF SEQUENCES:  36
;     CORRESPONDENCE ADDRESS:
;       ADDRESSEE:  Fish & Richardson P.C.
;       STREET:  225 Franklin Street
;       CITY:  Boston
;       STATE:  MA
;       COUNTRY:  US
;       ZIP:  02110-2804
;     COMPUTER READABLE FORM:
;       MEDIUM TYPE:  Diskette
```

```
;        COMPUTER:  IBM Compatible
;        OPERATING SYSTEM:  DOS
;        SOFTWARE:  FastSEQ Version 2.0
;     CURRENT APPLICATION DATA:
;        APPLICATION NUMBER:  US/08/743,200
;        FILING DATE:  05-NOV-1996
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;        APPLICATION NUMBER:
;        FILING DATE:
;     ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;        NAME:  Fasse, J. Peter
;        REGISTRATION NUMBER:  32,983
;        REFERENCE/DOCKET NUMBER:  07917/025001
;     TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;        TELEPHONE:  617-542-5070
;        TELEFAX:  617-542-8906
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO:  11:
;     SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;        LENGTH:  375 base pairs
;        TYPE:  nucleic acid
;        STRANDEDNESS:  single
;        TOPOLOGY:  linear
;     MOLECULE TYPE:  cDNA
;     FEATURE:
;        NAME/KEY:  Coding Sequence
;        LOCATION:  2...373
US-08-743-200-11
```

```
   Query Match              5.4%;   Score 373.4;   DB 2;   Length 375;
   Best Local Similarity  99.7%;   Pred. No. 1.9e-80;
   Matches  374;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;


Qy     2043 AAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCT 2102
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1 AAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCT 60


Qy     2103 CAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCA 2162
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       61 CAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCA 120


Qy     2163 GCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCA 2222
            ||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      121 GCTCAAGGAAAAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCA 180


Qy     2223 AGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTC 2282
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      181 AGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTC 240


Qy     2283 AGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGA 2342
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      241 AGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGA 300


Qy     2343 CAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGA 2402
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      301 CAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGA 360


Qy     2403 TGGTTTGGTTCGTCC 2417
            |||||||||||||||
Db      361 TGGTTTGGTTCGTCC 375
```

RESULT 6
US-09-513-999C-2604
; Sequence 2604, Application US/09513999C
; Patent No. 6783961
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Dumas Milne Edwards, J.B.
; APPLICANT: Duclert, A.
; APPLICANT: Giordano, J.Y.
; TITLE OF INVENTION: Expressed Sequence Tags and Encoded Human Proteins.
; Patent No. 6783961
; FILE REFERENCE: 59.US2.REG
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/513,999C
; CURRENT FILING DATE: 2000-02-24
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/122,487
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-26
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 36681
; SOFTWARE: Patent.pm
; SEQ ID NO 2604
;   LENGTH: 442
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: 126..440
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: 32
;   OTHER INFORMATION: k=g or t
US-09-513-999C-2604

   Query Match   4.6%;   Score 323.4; DB 3;   Length 442;
   Best Local Similarity 99.7%;   Pred. No. 2.7e-68;
  Matches 324; Conservative   0; Mismatches   1; Indels   0; Gaps   0;

Qy   1649 ATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 1708
             | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   118 AGTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 177

Qy   1709 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 1768
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   178 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 237

Qy   1769 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 1828
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   238 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 297

Qy   1829 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 1888
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   298 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 357

Qy   1889 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 1948
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   358 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 417

Qy   1949 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCA 1973
             |||||||||||||||||||||||||
Db   418 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCA 442

RESULT 7
US-09-949-016-12650

; Sequence 12650, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; TITLE OF INVENTION: WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
; FILE REFERENCE: CL001307
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
; CURRENT FILING DATE: 2000-04-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
; SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 12650
; LENGTH: 29574
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Human
US-09-949-016-12650

  Query Match   4.6%; Score 318.6; DB 3; Length 29574;
  Best Local Similarity 98.8%; Pred. No. 3e-66;
  Matches 321; Conservative   0; Mismatches   4; Indels   0; Gaps   0;

Qy   3648 AGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACC 3707
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   126 AGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACC 185

Qy   3708 CCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGT 3767
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   186 CCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGT 245

Qy   3768 ACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCT 3827
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   246 ACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCT 305

Qy   3828 CACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCC 3887
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   306 CACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCC 365

Qy   3888 TCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCC 3947
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   366 TCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCC 425

Qy   3948 TGAACACCATAACTTAGAGAATGAA 3972
           |||||||||||||||| | || |
Db   426 TGAACACCATAACTTAGTAAGTGGA 450

RESULT 8
US-09-949-016-15647
; Sequence 15647, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; TITLE OF INVENTION: WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
; FILE REFERENCE: CL001307

```
;   CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
;   CURRENT FILING DATE:  2000-04-14
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
;   PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
;   PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
;   PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
;   NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
;   SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 15647
;    LENGTH: 29574
;    TYPE: DNA
;    ORGANISM: Human
US-09-949-016-15647
```

```
  Query Match                 4.6%;   Score 318.6;  DB 3;   Length 29574;
  Best Local Similarity    98.8%;   Pred. No. 3e-66;
 Matches  321;  Conservative      0;  Mismatches     4;  Indels      0;  Gaps      0;

Qy      3648 AGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACC 3707
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       126 AGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACC 185

Qy      3708 CCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGT 3767
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       186 CCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGT 245

Qy      3768 ACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCT 3827
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       246 ACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCT 305

Qy      3828 CACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCC 3887
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       306 CACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCC 365

Qy      3888 TCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCC 3947
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       366 TCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCC 425

Qy      3948 TGAACACCATAACTTAGAGAATGAA 3972
             |||||||||||||||||  | || |
Db       426 TGAACACCATAACTTAGTAAGTGGA 450
```

```
RESULT 9
US-08-743-200-1
; Sequence 1, Application US/08743200
; Patent No. 5861260
;  GENERAL INFORMATION:
;     APPLICANT: Doxsey, Stephen J.
;     TITLE OF INVENTION:   DIAGNOSTIC METHODS FOR SCREENING
;     TITLE OF INVENTION:   PATIENTS FOR SCLERODERMA
;     NUMBER OF SEQUENCES:   36
;     CORRESPONDENCE ADDRESS:
;        ADDRESSEE:  Fish & Richardson P.C.
;        STREET:   225 Franklin Street
;        CITY:  Boston
;        STATE:  MA
;        COUNTRY:  US
;        ZIP:  02110-2804
```

```
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Diskette
;      COMPUTER:  IBM Compatible
;      OPERATING SYSTEM:  DOS
;      SOFTWARE:  FastSEQ Version 2.0
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/743,200
;      FILING DATE:  05-NOV-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:
;      FILING DATE:
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Fasse, J. Peter
;      REGISTRATION NUMBER:  32,983
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  07917/025001
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  617-542-5070
;      TELEFAX:  617-542-8906
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  315 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  Coding Sequence
;      LOCATION:  1...315
US-08-743-200-1
```

```
  Query Match              4.5%;  Score 315;  DB 2;  Length 315;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 2.5e-66;
  Matches  315;  Conservative     0;  Mismatches     0;  Indels     0;  Gaps     0;
```

```
Qy      775 GATAGACAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGAC 834
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1 GATAGACAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGAC 60

Qy      835 CTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAG 894
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       61 CTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAG 120

Qy      895 GAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAA 954
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      121 GAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAA 180

Qy      955 CAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAG 1014
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      181 CAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAG 240

Qy     1015 ACCATAGAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTT 1074
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      241 ACCATAGAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTT 300

Qy     1075 TATAAAATTGATGCT 1089
            |||||||||||||||
Db      301 TATAAAATTGATGCT 315
```

```
RESULT 10
US-08-743-200-5
```

```
; Sequence 5, Application US/08743200
; Patent No. 5861260
;  GENERAL INFORMATION:
;     APPLICANT:  Doxsey, Stephen J.
;     TITLE OF INVENTION:  DIAGNOSTIC METHODS FOR SCREENING
;     TITLE OF INVENTION:  PATIENTS FOR SCLERODERMA
;     NUMBER OF SEQUENCES:   36
;     CORRESPONDENCE ADDRESS:
;        ADDRESSEE:  Fish & Richardson P.C.
;        STREET:  225 Franklin Street
;        CITY:  Boston
;        STATE:  MA
;        COUNTRY:  US
;        ZIP:  02110-2804
;     COMPUTER READABLE FORM:
;        MEDIUM TYPE:  Diskette
;        COMPUTER:  IBM Compatible
;        OPERATING SYSTEM:  DOS
;        SOFTWARE:  FastSEQ Version 2.0
;     CURRENT APPLICATION DATA:
;        APPLICATION NUMBER:  US/08/743,200
;        FILING DATE:  05-NOV-1996
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;        APPLICATION NUMBER:
;        FILING DATE:
;     ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;        NAME:  Fasse, J. Peter
;        REGISTRATION NUMBER:  32,983
;        REFERENCE/DOCKET NUMBER:  07917/025001
;     TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;        TELEPHONE:  617-542-5070
;        TELEFAX:  617-542-8906
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:   5:
;     SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;        LENGTH:   330 base pairs
;        TYPE:  nucleic acid
;        STRANDEDNESS:  single
;        TOPOLOGY:  linear
;     MOLECULE TYPE:  cDNA
;     FEATURE:
;        NAME/KEY:  Coding Sequence
;        LOCATION:  3...329
US-08-743-200-5
```

```
   Query Match              4.5%;   Score 314.6;  DB 2;   Length 330;
   Best Local Similarity   97.3%;   Pred. No. 3.2e-66;
   Matches  320;  Conservative    0;  Mismatches    9;  Indels   0;  Gaps    0;

Qy      1329 AAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGC 1388
             |||||||||||||||| || |  ||||||||||| |||||||  ||||||||||||||||
Db         2 AAAAAAAATAAGTGCCGCCCCAACTCGACTATCCGAACTGCCTGATGAAATAGAAAAGGC 61

Qy      1389 AGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACT 1448
             |||| ||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db        62 CGAACCACCAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACCACT 121

Qy      1449 AAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACA 1508
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       122 AAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACA 181

Qy      1509 ACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAA 1568
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     182  ACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAA  241

Qy    1569  GCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCT  1628
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     242  GCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCT  301

Qy    1629  GGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATA  1657
               |||||||||||||||||||||||||||||
Db     302  GGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATA  330
```

RESULT 11
US-09-297-648-2944
; Sequence 2944, Application US/09297648
; Patent No. 6964868
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: Williams, Lewis T.
;   APPLICANT: Escobedo, Jaime
;   APPLICANT: Innis, Michael A.
;   APPLICANT: Garcia, Pablo Dominiguez
;   APPLICANT: Sudduth-Klinger, Julie
;   APPLICANT: Reinhard, Christoph
;   APPLICANT: Giese, Klause
;   APPLICANT: Randazzo, Filippo
;   APPLICANT: Kennedy, Giulia C.
;   APPLICANT: Pot, David
;   APPLICANT: Kassan, Altaf
;   APPLICANT: Lamson, George
;   APPLICANT: Drmanac, Radoje
;   APPLICANT: Crkvenjakov, Radomir
;   APPLICANT: Dickson, Mark
;   APPLICANT: Drmanac, Snezana
;   APPLICANT: Labat, Ivan
;   APPLICANT: Leshkowitz, Dena
;   APPLICANT: Kita, David
;   APPLICANT: Garcia, Veronica
;   APPLICANT: Jones, William Lee
;   APPLICANT: Stache-Crain, Birjit
;   TITLE OF INVENTION: No. 6964868el Human Genes and Gene Expression
;   TITLE OF INVENTION: Products II
;   FILE REFERENCE: 2300-1481
;   CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/297,648
;   CURRENT FILING DATE: 2000-03-10
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/072,910
;   PRIOR FILING DATE: 1998-01-28
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/075,954
;   PRIOR FILING DATE: 1998-02-24
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/080,666
;   PRIOR FILING DATE: 1998-04-03
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/080,515
;   PRIOR FILING DATE: 1998-04-03
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/080,114
;   PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/105,234
;   PRIOR FILING DATE: 1998-10-21
;   NUMBER OF SEQ ID NOS: 5252
;   SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 2944
;   LENGTH: 784
;   TYPE: DNA

```
;    ORGANISM: Homo sapiens
;    FEATURE:
;    NAME/KEY: misc_feature
;    LOCATION: (1)...(784)
;    OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-297-648-2944
```

```
   Query Match                4.3%;   Score 302.6;   DB 4;   Length 784;
   Best Local Similarity     69.5%;   Pred. No. 4e-63;
   Matches   453;  Conservative    0;  Mismatches  187;  Indels   12;  Gaps    7;
```

```
Qy     5680 CAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCA-AA 5738
            || || |||||||||||  ||||||||||||||||  |||| |||||| |||||||||| |
Db       52 CACGAGGTGTTGCTCAANGAGCAGACCCGACTCCNTAAGGTCATCATTGAATGGGCATNA 111

Qy     5739 TAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCA 5798
            || |||||||  ||||||  | | |  | | ||| ||| |||| ||| | |||||| |
Db      112 TANGTTTGAANACTGTCCAANANANTANGNGTCAATACATCAACNNCTTTANNTGCTTGA 171

Qy     5799 GAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACT 5858
            | || ||||||| || ||| |              |  || |||||||||| ||| |||
Db      172 TATTGNNATTGAANAACACANGNCTCNGNCTAGTTCGCCTGANATGATGTTTAAGATACT 231

Qy     5859 CCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGA 5918
            || ||| |||| | | || || || ||||||| |||| ||| ||||| |||||
Db      232 CCGGAAGGAGACANANTGTTNTGANTGCGGATTAGANACCACNGAAGNNACACTNAAGGA 291

Qy     5919 GCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCT 5978
            || || | ||| || | || | ||| | ||| | ||||| ||||| |||||||||| ||||
Db      292 NCANCATCTCCACCTNGNAACTGNATTNNCNGACCANAAAAGNGAACTGGACCAAATGCT 351

Qy     5979 CTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTG 6038
            ||||||||||||||||||||| || |||||||||| ||||||||| ||||| || ||||  |
Db      352 CTCAAAGGTGCTGGCAGCTTAANAGCGTGTTANGACTCTGCACGAAGANGACAGGTNNTN 411

Qy     6039 TGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAGCTTT---CAGAAAGGGAGCA 6095
            |||||||||||  |   ||||||||||||||||||| | | |||    || | || |
Db      412 TGAGAGCCTGGNNANNACACTCTCCCAAACTAAACTGNANCTTTCAACANANGGGANCCC 471

Qy     6096 GCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTGTTGGCCC-TCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGA 6154
            |||||||||||||||||||||||| ||||||||||| |||| ||||| ||| ||||| |||
Db      472 CANNTTGGTGGAGAAATCAGGTGANCTGTTGGCCCTTCCACAAAGANGCAAATTCTNTGA 531

Qy     6155 GGGC-AGACTTCAGCC-TTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGC---TGA 6209
            |||| ||||||| | || || || ||| ||||||||| |||||| ||    || ||||||| | |
Db      532 GGGCNAGACTTNANCCTTTTTGCNGAACCAGTNCTTGACTGACTAAATGAAAGCTTTTTA 591

Qy     6210 GAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCA--CTTAAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAA 6267
            | | ||| ||| || ||||| | |||| |||| |||| || ||| |||| |||||| |
Db      592 AGCCAGGTGGCCCANCCTTAANGAAGCNACTTTTTAATCCANCGGAACCNGCTTGAGANA 651

Qy     6268 AACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCAA 6319
            || |  || |   || |   ||| |  | | ||  |   | | ||| || ||
Db      652 AAACCNTTTTTGACCCAAAACCNGGAGAACCAGCTGGCCTACCAAAGGGAAA 703
```

```
RESULT 12
US-09-297-648-1518
; Sequence 1518, Application US/09297648
; Patent No. 6964868
; GENERAL INFORMATION:
```

```
;  APPLICANT:  Williams, Lewis T.
;  APPLICANT:  Escobedo, Jaime
;  APPLICANT:  Innis, Michael A.
;  APPLICANT:  Garcia, Pablo Dominiguez
;  APPLICANT:  Sudduth-Klinger, Julie
;  APPLICANT:  Reinhard, Christoph
;  APPLICANT:  Giese, Klause
;  APPLICANT:  Randazzo, Filippo
;  APPLICANT:  Kennedy, Giulia C.
;  APPLICANT:  Pot, David
;  APPLICANT:  Kassan, Altaf
;  APPLICANT:  Lamson, George
;  APPLICANT:  Drmanac, Radoje
;  APPLICANT:  Crkvenjakov, Radomir
;  APPLICANT:  Dickson, Mark
;  APPLICANT:  Drmanac, Snezana
;  APPLICANT:  Labat, Ivan
;  APPLICANT:  Leshkowitz, Dena
;  APPLICANT:  Kita, David
;  APPLICANT:  Garcia, Veronica
;  APPLICANT:  Jones, William Lee
;  APPLICANT:  Stache-Crain, Birjit
;  TITLE OF INVENTION:  No. 6964868el Human Genes and Gene Expression
;  TITLE OF INVENTION:  Products II
;  FILE REFERENCE:  2300-1481
;  CURRENT APPLICATION NUMBER:  US/09/297,648
;  CURRENT FILING DATE:  2000-03-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  60/072,910
;  PRIOR FILING DATE:  1998-01-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  60/075,954
;  PRIOR FILING DATE:  1998-02-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  60/080,666
;  PRIOR FILING DATE:  1998-04-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  60/080,515
;  PRIOR FILING DATE:  1998-04-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  60/080,114
;  PRIOR FILING DATE:  1998-03-31
;  PRIOR APPLICATION NUMBER:  60/105,234
;  PRIOR FILING DATE:  1998-10-21
;  NUMBER OF SEQ ID NOS:  5252
;  SOFTWARE:  FastSEQ for Windows Version 4.0
;  SEQ ID NO 1518
;    LENGTH: 300
;    TYPE: DNA
;    ORGANISM: Homo sapiens
US-09-297-648-1518

  Query Match            4.3%;  Score 300;  DB 4;  Length 300;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 1.1e-62;
  Matches  300;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;

Qy      5686 GTGTTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTT 5745
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1 GTGTTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTT 60

Qy      5746 GAAGACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAG 5805
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        61 GAAGACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAG 120

Qy      5806 ATTGAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAA 5865
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db         121 ATTGAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAA 180

Qy        5866 GAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAG 5925
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         181 GAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAG 240

Qy        5926 CACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAG 5985
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 CACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAG 300
```

```
RESULT 13
US-08-743-200-13
; Sequence 13, Application US/08743200
; Patent No. 5861260
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Doxsey, Stephen J.
;    TITLE OF INVENTION:  DIAGNOSTIC METHODS FOR SCREENING
;    TITLE OF INVENTION:  PATIENTS FOR SCLERODERMA
;    NUMBER OF SEQUENCES:  36
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Fish & Richardson P.C.
;      STREET:  225 Franklin Street
;      CITY:  Boston
;      STATE:  MA
;      COUNTRY:  US
;      ZIP:  02110-2804
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Diskette
;      COMPUTER:  IBM Compatible
;      OPERATING SYSTEM:  DOS
;      SOFTWARE:  FastSEQ Version 2.0
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/743,200
;      FILING DATE:  05-NOV-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:
;      FILING DATE:
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Fasse, J. Peter
;      REGISTRATION NUMBER:  32,983
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  07917/025001
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  617-542-5070
;      TELEFAX:  617-542-8906
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  13:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  228 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  Coding Sequence
;      LOCATION:  1...228
US-08-743-200-13

  Query Match              3.3%;  Score 228;  DB 2;  Length 228;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 2.8e-45;
  Matches  228;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;
```

```
Qy    2455 AAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAA 2514
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 AAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAA 60

Qy    2515 AGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGA 2574
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGA 120

Qy    2575 GATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAA 2634
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 GATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAA 180

Qy    2635 CTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTG 2682
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 CTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTG 228
```

RESULT 14
US-09-949-016-35518
; Sequence 35518, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; TITLE OF INVENTION: WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
; FILE REFERENCE: CL001307
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
; CURRENT FILING DATE: 2000-04-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
; SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 35518
;   LENGTH: 601
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Human
US-09-949-016-35518

  Query Match   3.2%;   Score 224.4; DB 3;   Length 601;
  Best Local Similarity   99.6%;   Pred. No. 3.3e-44;
  Matches 225; Conservative   0; Mismatches   1; Indels   0; Gaps   0;

```
Qy    5842 ATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGT 5901
           | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     376 AAGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGT 435

Qy    5902 AAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGC 5961
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     436 AAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGC 495

Qy    5962 AAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAG 6021
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     496 AAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAG 555

Qy    6022 GAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAA 6067
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     556 GAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAA 601
```

RESULT 15
US-09-949-016-138497
; Sequence 138497, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
;   TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
;   TITLE OF INVENTION: WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
;   FILE REFERENCE: CL001307
;   CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
;   CURRENT FILING DATE: 2000-04-14
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
;   PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
;   PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
;   PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
;   NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
;   SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 138497
;   LENGTH: 601
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Human
US-09-949-016-138497

  Query Match   3.2%;   Score 224.4;   DB 3;   Length 601;
  Best Local Similarity   99.6%;   Pred. No. 3.3e-44;
  Matches 225; Conservative   0; Mismatches   1; Indels   0; Gaps   .0;

Qy   5842 ATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGT 5901
             | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   376 AAGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGT 435

Qy   5902 AAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGC 5961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   436 AAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGC 495

Qy   5962 AAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAG 6021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   496 AAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAG 555

Qy   6022 GAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAA 6067
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   556 GAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAA 601

Search completed: August 15, 2006, 02:02:57
Job time : 1161 secs

SCORE 1.3   BuildDate: 12/06/2005

SCORE Search Results Details for Application 10663433 and Search Result us-10-663-433-1.rge.

Score Home Page   Retrieve Application List   SCORE System Overview   SCORE FAQ   Comments / Suggestions

This page gives you Search Results detail for the Application 10663433 and Search Result us-10-663-433-1.rge.

start

Go Back to previous page

```
                        GenCore version 5.1.9
              Copyright (c) 1993 - 2006  Biocceleration Ltd.


OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:          August 15, 2006, 00:51:02 ; Search time 62234 Seconds
                                             (without alignments)
                                             7170.118 Million cell updates/sec

Title:           US-10-663-433-1
Perfect score:   6978
Sequence:        1 atgaagaaaggttctcaaca..........agaatgcctcagccagatga 6978

Scoring table:   IDENTITY_NUC
                 Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:        6366136 seqs, 31973710525 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:        12732272

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       GenEmbl:*
                 1:   gb_env:*
                 2:   gb_pat:*
                 3:   gb_ph:*
                 4:   gb_pl:*
                 5:   gb_pr:*
                 6:   gb_ro:*
                 7:   gb_sts:*
                 8:   gb_sy:*
                 9:   gb_un:*
                 10:  gb_vi:*
                 11:  gb_ov:*
                 12:  gb_htg:*
                 13:  gb_in:*
                 14:  gb_om:*
                 15:  gb_ba:*
```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	6978	100.0	6978	5	AF513978	AF513978 Homo sapi
2	5350.8	76.7	5804	5	AK074079	AK074079 Homo sapi
3	3735	53.5	3735	5	AY651261	AY651261 Homo sapi
4	3597.4	51.6	3602	2	CQ850900	CQ850900 Sequence
5	3597.4	51.6	3602	5	AK128098	AK128098 Homo sapi
6	3008.6	43.1	3893	5	AF083322	AF083322 Homo sapi
7	3000.8	43.0	3882	2	CQ724459	CQ724459 Sequence
8	2890.2	41.4	3037	5	BC002932	BC002932 Homo sapi
9	2873.6	41.2	3044	2	CS168804	CS168804 Sequence
10	2873.6	41.2	3044	2	AX834925	AX834925 Sequence
11	2873.6	41.2	3044	5	AK097636	AK097636 Homo sapi
12	2786.8	39.9	2803	5	BC009287	BC009287 Homo sapi
13	2410.4	34.5	3974	6	AK131139	AK131139 Mus muscu
14	2403.2	34.4	2631	2	AR717552	AR717552 Sequence
15	2403.2	34.4	2631	2	AX746527	AX746527 Sequence
16	2403.2	34.4	2631	5	AK090600	AK090600 Homo sapi
17	1826.4	26.2	3008	6	MMIB35	X79131 M.musculus
18	1643.4	23.6	1833	5	AK093457	AK093457 Homo sapi
19	1331	19.1	1600	5	BC089415	BC089415 Homo sapi
20	1213	17.4	2766	6	BC038386	BC038386 Mus muscu
21	1075.2	15.4	1879	6	BC060146	BC060146 Mus muscu
22	719.4	10.3	721	2	CQ724466	CQ724466 Sequence
23	707.2	10.1	791	2	BD079470	BD079470 Cancer-as
24	531.8	7.6	667	2	BD221466	BD221466 Human gen
25	461.4	6.6	514	2	BD058388	BD058388 Secreted
26	427.8	6.1	499	2	AR563069	AR563069 Sequence
27	427.8	6.1	499	2	AX321802	AX321802 Sequence
28	375.2	5.4	1321	11	BX931302	BX931302 Gallus ga
29	373.4	5.4	375	2	AR030354	AR030354 Sequence
30	323.4	4.6	442	2	BD026351	BD026351 Sequence
31	323.4	4.6	442	2	AR726612	AR726612 Sequence
32	323.4	4.6	442	2	AX886741	AX886741 Sequence
33	318.6	4.6	147029	5	AL137068	AL137068 Human DNA
34	315	4.5	315	2	AR030349	AR030349 Sequence
35	314.6	4.5	330	2	AR030351	AR030351 Sequence
36	302.6	4.3	784	2	BD129243	BD129243 Human gen
37	302.6	4.3	784	2	BD214802	BD214802 Novel hum
38	302.6	4.3	784	2	AR768396	AR768396 Sequence
39	300	4.3	300	2	BD128948	BD128948 Human gen
40	300	4.3	300	2	BD213376	BD213376 Novel hum
41	300	4.3	300	2	AR766970	AR766970 Sequence
42	296.6	4.3	207392	12	AC006558	AC006558 Homo sapi
43	284.6	4.1	300	2	BD220232	BD220232 Human gen
44	279.2	4.0	669	11	BX933773	BX933773 Gallus ga
45	257.2	3.7	974	11	BX931123	BX931123 Gallus ga

ALIGNMENTS

RESULT 1
AF513978

```
LOCUS       AF513978                6978 bp    mRNA    linear    PRI 24-MAY-2003
DEFINITION  Homo sapiens CENTRIOLIN mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF513978
VERSION     AF513978.1  GI:31071794
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6978)
  AUTHORS   Gromley,A., Jurczyk,A., Sillibourne,J., Halilovic,E., Mogensen,M.,
            Groisman,I., Blomberg,M. and Doxsey,S.
  TITLE     A novel human protein of the maternal centriole is required for the
            final stages of cytokinesis and entry into S phase
  JOURNAL   J. Cell Biol. 161 (3), 535-545 (2003)
  PUBMED    12732615
REFERENCE   2  (bases 1 to 6978)
  AUTHORS   Gromley,A.S., Jurczyk,A., Sillibourne,J.E., Halilovic,E. and
            Doxsey,S.J.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (21-MAY-2002) Molecular Medicine, University of
            Massachusetts Medical School, 373 Plantation St., Biotech II,
            Worcester, MA 01605, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..6978
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="9"
     CDS             1..6978
                     /note="centriolar protein"
                     /codon_start=1
                     /product="CENTRIOLIN"
                     /protein_id="AAP43846.1"
                     /db_xref="GI:31071795"
                     /translation="MKKGSQQKIFSKAKIPSSSHSPIPSSMSNMRSRSLSPLIGSETL
                     PFHSGGQWCEQIEIADENNMLLDYQDHKGADSHAGVRYITEALIKKLTKQDNLALIKS
                     LNLSLSKDGGKKFKYIENLEKCVKLEVLNLSYNLIGKIEKLDKLLKLRELNLSYNKIS
                     KIEGIENMCNLQKLNLAGNEIEHIPVWLGKKLKSLRVLNLKGNKISSLQDISKLKPLQ
                     DLISLILVENPVVTLPHYLQFTIFHLRSLESLEGQPVTTQDRQEAFERFSLEEVERLE
                     RDLEKKMIETEELKSKQTRFLEEIKNQDKLNKSLKEEAMLQKQSCEELKSDLNTKNEL
                     LKQKTIELTRACQKQYELEQELAFYKIDAKFEPLNYYPSEYAEIDKAPDESPYIGKSR
                     YKRNMFATESYIIDSAQAVQIKKMEPDEQLRNDHMNLRGHTPLDTQLEDKEKKISAAQ
                     TRLSELHDEIEKAEQQILRATEEFKQLEEAIQLKKISEAGKDLLYKQLSGRLQLVNKL
                     RQEALDLELQMEKQKQEIAGKQKEIKDLQIAIDSLDSKDPKHSHMKAQKSGKEQQLDI
                     MNKQYQQLESRLDEILSRIAKETEEIKDLEEQLTEGQIAANEALKKDLEGVISGLQEY
                     LGTIKGQATQAQNECRKLRDEKETLLQRLTEVEQERDQLEIVAMDAENMRKELAELES
                     ALQEQHEVNASLQQTQGDLSAYEAELEARLNLRDAEANQLKEELEKVTRLTQLEQSAL
                     QAELEKERQALKNALGKAQFSEEKEQENSELHAKLKHLQDDNNLLKQQLKDFQNHLNH
                     VVDGLVRPEEVAARVDELRRKLKLGTGEMNIHSPSDVLGKSLADLQKQFSEILARSKW
                     ERDEAQVRERKLQEEMALQQEKLATGQEEFRQACERALEARMNFDKRQHEARIQQMEN
                     EIHYLQENLKSMEEIQGLTDLQLQEADEEKERILAQLRELEKKKKLEDAKSQEQVFGL
                     DKELKKLKKAVATSDKLATAELTIAKDQLKSLHGTVMKINQERAEELQEAERFSRKAA
                     QAARDLTRAEAEIELLQNLLRQKGEQFRLEMEKTGVGTGANSQVLEIEKLNETMERQR
                     TEIARLQNVLDLTGSDNKGGFENVLEEIAELRREVSYQNDYISSMADPFKRRGYWYFM
                     PPPPSSKVSSHSSQATKDSGVGLKYSASTPVRKPRPGQQDGKEGSQPPPASGYWVYSP
                     IRSGLHKLFPSRDADSGGDSQEESELDDQEEPPFVPPPGYMMYTVLPDGSPVPQGMAL
                     YAPPPPLPNNSRPLTPGTVVYGPPPAGAPMVYGPPPPNFSIPFIPMGVLHCNVPEHHN
                     LENEVSRLEDIMQHLKSKKREERWMRASKRQSEKEMEELHHNIDDLLQEKKSLECEVE
                     ELHRTVQKRQQQKDFIDGNVESLMTELEIEKSLKHHEDIVDEIECIEKTLLKRRSELR
```

                              EADRLLAEAESELSCTKEKTKNAVEKFTDAKRSLLQTESDAEELERRAQETAVNLVKA
                              DQQLRSLQADAKDLEQHKIKQEEILKEINKIVAAKDSDFQCLSKKKEKLTEELQKLQK
                              DIEMAERNEDHHLQVLKESEVLLQAKRAELEKLKSQVTSQQQEMAVLDRQLGHKKEEL
                              HLLQGSMVQAKADLQEALRLGETEVTEKCNHIREVKSLLEELSFQKGELNVQISERKT
                              QLTLIKQEIEKEEENLQVVLRQMSKHKTELKNILDMLQLENHELQGLKLQHDQRVSEL
                              EKTQVAVLEEKLELENLQQISQQQKGEIEWQKQLLERDKREIERMTAESRALQSCVEC
                              LSKEKEDLQEKCDIWEKKLAQTKRVLAAAEENSKMEQSNLEKLELNVRKLQQELDQLN
                              RDKLSLHNDISAMQQQLQEKREAVNSLQEELANVQDHLNLAKQDLLHTTKHQDVLLSE
                              QTRLQKDISEWANRFEDCQKEEETKQQQLQVLQNEIEENKLKLVQQEMMFQRLQKERE
                              SEESKLETSKVTLKEQQHQLEKELTDQKSKLDQVLSKVLAAEERVRTLQEEERWCESL
                              EKTLSQTKRQLSEREQQLVEKSGELLALQKEADSMRADFSLLRNQFLTERKKAEKQVA
                              SLKEALKIQRSQLEKNLLEQKQENSCIQKEMATIELVAQDNHERARRLMKELNQMQYE
                              YTELKKQMANQKDLERRQMEISDAMRTLKSEVKDEIRTSLKNLNQFLPELPADLEAIL
                              ERNENLEGELESLKENLPFTMNEGPFEEKLNFSQVHIMDEHWRGEALREKLRHREDRL
                              KAQLRHCMSKQAEVLIKGKRQTEGTLHSLRRQVDALGELVTSTSADSASSPSLSQLES
                              SLTEDSQLGQNQEKNASAR"
ORIGIN

     Query Match   100.0%; Score 6978; DB 5; Length 6978;
     Best Local Similarity   100.0%; Pred. No. 0;
     Matches 6978; Conservative   0; Mismatches   0; Indels   0; Gaps   0;

Qy   1 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 60
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 ATGAAGAAAGGTTCTCAACAAAAAATATTCTCCAAAGCAAAGATACCATCATCATCTCAC 60

Qy   61 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61 TCTCCTATCCCATCATCTATGTCCAATATGAGATCTAGGTCACTTTCACCTTTGATTGGA 120

Qy   121 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 TCAGAGACTCTACCTTTTCATTCTGGAGGACAGTGGTGTGAGCAAATTGAGATTGCAGAT 180

Qy   181 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 GAAAACAATATGCTTTTGGACTATCAAGACCATAAAGGAGCTGATTCACATGCAGGAGTT 240

Qy   241 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 300
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 AGATATATTACAGAGGCCCTCATTAAAAAACTTACTAAACAGGATAATTTGGCTTTGATA 300

Qy   301 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 360
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 AAATCTCTGAACCTTTCACTTTCTAAAGACGGTGGCAAGAAATTTAAGTATATTGAGAAT 360

Qy   361 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 420
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 TTGGAAAAATGTGTTAAACTTGAAGTACTGAATCTCAGCTATAATCTAATAGGGAAGATT 420

Qy   421 GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC 480
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 GAAAAGTTGGACAAGCTGTTAAAATTACGTGAACTCAACTTATCATATAACAAAATCAGC 480

Qy   481 AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA 540
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 AAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAAGCTTAACCTTGCAGGAAATGAA 540

Qy   541 ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG 600
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 ATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAAATCTTTGCGAGTCCTCAATTTG 600

```
Qy    601  AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACCGCTTCAAGATTTG 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601  AAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAAGTTGAAACCGCTTCAAGATTTG 660

Qy    661  ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661  ATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCTTCCTCATTACCTCCAGTTTACC 720

Qy    721  ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721  ATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCAGCCAGTAACCACTCAGGATAGA 780

Qy    781  CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781  CAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGAAAGACTGGAAAGAGACCTAGAA 840

Qy    841  AAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT 900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841  AAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACAAACAAGGTTCCTTGAGGAAATT 900

Qy    901  AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901  AAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGAGGCCATGTTACAGAAACAGAGC 960

Qy    961  TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961  TGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGAATTGCTAAAACAGAAGACCATA 1020

Qy   1021  GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021  GAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGAACAGGAATTGGCCTTTTATAAA 1080

Qy   1081  ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081  ATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAA 1140

Qy   1141  GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141  GCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACA 1200

Qy   1201  GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201  GAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAA 1260

Qy   1261  CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261  CAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAA 1320

Qy   1321  GACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATA 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321  GACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATA 1380

Qy   1381  GAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCT 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381  GAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCT 1440

Qy   1441  ATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGT 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441  ATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGT 1500
```

```
Qy    1501 AGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAA 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 AGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAA 1560

Qy    1561 AAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATA 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 AAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATA 1620

Qy    1621 GATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAA 1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 GATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAA 1680

Qy    1681 GAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAG 1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 GAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAG 1740

Qy    1741 ATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACT 1800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||.||||||||||||.|||||
Db    1741 ATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACT 1800

Qy    1801 GAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGG 1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 GAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGG 1860

Qy    1861 TTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGG 1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 TTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGG 1920

Qy    1921 AAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGA 1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 AAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGA 1980

Qy    1981 GACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTA 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 GACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTA 2040

Qy    2041 GAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGAT 2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 GAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGAT 2100

Qy    2101 CTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAAC 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 CTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAAC 2160

Qy    2161 CAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTT 2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 CAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTT 2220

Qy    2221 CAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTC 2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 CAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTC 2280

Qy    2281 TCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGAT 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 TCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGAT 2340

Qy    2341 GACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTT 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 GACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTT 2400

Qy    2401 GATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTG 2460
```

```
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 GATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTG 2460

Qy   2461 AAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTT 2520
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTT 2520

Qy   2521 GCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAA 2580
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 GCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAA 2580

Qy   2581 GCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCA 2640
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 GCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCA 2640

Qy   2641 ACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTT 2700
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 ACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTT 2700

Qy   2701 GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA 2760
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA 2760

Qy   2761 GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT 2820
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT 2820

Qy   2821 GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT 2880
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT 2880

Qy   2881 GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG 2940
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG 2940

Qy   2941 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 3000
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 3000

Qy   3001 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 3060
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 3060

Qy   3061 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 3120
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 3120

Qy   3121 GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 3180
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 3180

Qy   3181 ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 3240
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 3240

Qy   3241 AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 3300
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 3300

Qy   3301 ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 3360
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     3301  ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 3360

Qy     3361  CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 3420
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3361  CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 3420

Qy     3421  GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 3480
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3421  GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 3480

Qy     3481  GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 3540
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3481  GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 3540

Qy     3541  CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 3600
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3541  CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 3600

Qy     3601  GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 3660
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3601  GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 3660

Qy     3661  GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3720
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3661  GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3720

Qy     3721  CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3780
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3721  CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3780

Qy     3781  GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3840
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3781  GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3840

Qy     3841  GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 3900
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3841  GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 3900

Qy     3901  TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 3960
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3901  TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 3960

Qy     3961  TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4020
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3961  TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4020

Qy     4021  GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4080
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4021  GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4080

Qy     4081  CATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTA 4140
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4081  CATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTA 4140

Qy     4141  CATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGT 4200
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4141  CATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGT 4200

Qy     4201  CTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAA 4260
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4201  CTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAA 4260
```

```
Qy   4261 ATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGA 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 ATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGA 4320

Qy   4321 CTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTT 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTT 4380

Qy   4381 GAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTA 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 GAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTA 4440

Qy   4441 GAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 GAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCG 4500

Qy   4501 CTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAA 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 CTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAA 4560

Qy   4561 GAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAG 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 GAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAG 4620

Qy   4621 GAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAAT 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 GAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAAT 4680

Qy   4681 GAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCC 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 GAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCC 4740

Qy   4741 GAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGAC 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGAC 4800

Qy   4801 AGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCA 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCA 4860

Qy   4861 AAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAAT 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAAT 4920

Qy   4921 CACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAAT 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 CACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAAT 4980

Qy   4981 GTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAG 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAG 5040

Qy   5041 GAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAAT 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAAT 5100

Qy   5101 ATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGAC 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 ATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGAC 5160
```

```
Qy   5161 CAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTA 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 CAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTA 5220

Qy   5221 GAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 GAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTC 5280

Qy   5281 CTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCG 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCG 5340

Qy   5341 TGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAA 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 TGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAA 5400

Qy   5401 AAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAG 5460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAG 5460

Qy   5461 CAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAA 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 CAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAA 5520

Qy   5521 CTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAA 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 CTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAA 5580

Qy   5581 GAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTG 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 GAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTG 5640

Qy   5641 AACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 AACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAG 5700

Qy   5701 CAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAA 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 CAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAA 5760

Qy   5761 GAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 GAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAG 5820

Qy   5821 CTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAA 5880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAA 5880

Qy   5881 GAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAG 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAG 5940

Qy   5941 GAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAA 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 GAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAA 6000

Qy   6001 GAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTC 6060

Qy   6061 TCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAG 6120
```

```
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6061  TCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAG 6120

Qy     6121  CTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAAC 6180
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6121  CTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAAC 6180

Qy     6181  CAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTT 6240
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6181  CAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTT 6240

Qy     6241  AAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGC 6300
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6241  AAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGC 6300

Qy     6301  ATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGG 6360
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6301  ATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGG 6360

Qy     6361  CGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATG 6420
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6361  CGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATG 6420

Qy     6421  GCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTT 6480
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6421  GCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTT 6480

Qy     6481  AAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCA 6540
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6481  AAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCA 6540

Qy     6541  GAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTG 6600
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6541  GAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTG 6600

Qy     6601  GAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTG 6660
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6601  GAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTG 6660

Qy     6661  AACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAA 6720
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6661  AACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAA 6720

Qy     6721  CTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCA 6780
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6721  CTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCA 6780

Qy     6781  GAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAA 6840
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6781  GAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAA 6840

Qy     6841  GTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGT 6900
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6841  GTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGT 6900

Qy     6901  CTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAG 6960
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6901  CTGTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAG 6960

Qy     6961  AATGCCTCAGCCAGATGA 6978
                    ||||||||||||||||||
```

Db   6961 AATGCCTCAGCCAGATGA 6978

RESULT 2
AK074079
LOCUS   AK074079   5804 bp   mRNA   linear   PRI 15-FEB-2002
DEFINITION   Homo sapiens mRNA for FLJ00150 protein.
ACCESSION   AK074079
VERSION   AK074079.1 GI:18676505
KEYWORDS   fis (full insert sequence).
SOURCE   Homo sapiens (human)
  ORGANISM   Homo sapiens
             Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
             Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
             Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Jikuya,H., Takano,J., Nomura,N., Kikuno,R., Nagase,T. and Ohara,O.
  TITLE   The nucleotide sequence of a long cDNA clone isolated from human
             spleen
  JOURNAL   Published Only in Database (2002)
REFERENCE   2 (bases 1 to 5804)
  AUTHORS   Jikuya,H., Takano,J., Nomura,N., Kikuno,R., Nagase,T. and Ohara,O.
  TITLE   Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (21-JAN-2002) Takahiro Nagase, Kazusa DNA Research
             Institute, Department of Human Gene Research; 1532-3, Yana,
             Kisarazu, Chiba 292-0812, Japan (E-mail:cdnainfo@kazusa.or.jp,
             URL:http://www.kazusa.or.jp/NEDO, Tel:81-438-52-3913,
             Fax:81-438-52-3914)
COMMENT   NEDO human cDNA sequencing project supported by Ministry of
             Economy, Trade and Industry of Japan; cDNA full insert and 5'- &
             3'-end one pass sequencing: Research Association for Biotechnology;
             cDNA library construction and clone selection: Kazusa DNA Research
             Institute.
FEATURES   Location/Qualifiers
     source   1. .5804
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="FLJ00150"
                     /tissue_type="spleen"
                     /dev_stage="adult"
                     /note="vector:pBluescriptII SK plus"
     gene   1. .5804
                     /gene="FLJ00150"
     CDS   <1. .5382
                     /gene="FLJ00150"
                     /inference="non-experimental evidence, no additional
                     details recorded"
                     /note="Start codon is not identified."
                     /codon_start=1
                     /product="FLJ00150 protein"
                     /protein_id="BAB84905.1"
                     /db_xref="GI:18676506"
                     /translation="AGKQKEIKDLQIAIDSLDSKDPKHSHMKAQKSGKEQQLDIMNKQ
                     YQQLESRLDEILSRIAKETEEIKDLEEQLTEGQIAANEALKKDLEGVISGLQEYLGTI
                     KGQATQAQNECRKLRDEKETLLQRLTEVEQERDQLEIVAMDAENMRKELAELESALQE
                     QHEVNASLQQTQGDLSAYEAELEARLNLRDAEANQLKEELEKVTRLTQLEQSALQAEL
                     EKERQALKNALGKAQFSEEKEQENSELHAKLKHLQDDNNLLKQQLKDFQNHLNHVVDG
                     LVRPEEVAARVDELRRKLKLGTGEMNIHSPSDVLGKSLADLQKQFSEILARSKWERDE
                     AQVRERKLQEEMALQQEKLATGQEEFRQACERALEARMNFDKRQHEARIQQMENEIHY
                     LQENLKSMEEIQGLTDLQLQEADEEKERILAQLRELEKKKKLEDAKSQEQVFGLDKEL

KKLKKAVATSDKLATAELTIAKDQLKSLHGTVMKINQERAEELQEAERFSRKAAQAAR
DLTRAEAEIELLQNLLRQKGEQFRLEMEKTGVGTGANSQVLEIEKLNETMERQRTEIA
RLQNVLDLTGSDNKGGFENVLEEIAELRREVSYQNDYISSMADPFKRRGYWYFMPPPP
SSKVSSHSSQATKDSGVGLKYSASTPVRKPRPGQQDGKEGSQPPPASGYWVYSPIRSG
LHKLFPSRDADSGGDSQEESELDDQEEPPFVPPPGYMMYTVLPDGSPVPQGMALYAPP
PPLPNNSRPLTPGTVVYGPPPAGAPPPNFSIPFIPMGVLHCNVPEHHNLENEVSRLED
IMQHLKSKKREERWMRASKRQSEKEMEELHHNIDDLLQEKKSLECEVEELHRTVQKRQ
QQKDFIDGNVESLMTELEIEKSLKHHEDIVDEIECIEKTLLKRRSELREADRLLAEAE
SELSCTKEKTKNAVEKFTDAKRSLLQTESDAEELERRAQETAVNLVKADQQLRSLQAD
AKDLEQHKIKQEEILKEINKIVAAKDSDFQCLSKKKEKLTEELQKLQKDIEMAERNED
HHLQVLKESEVLLQAKRAELEKLKSQVTSQQQEMAVLDRQLGHKKEELHLLQGSMVQA
KADLQEALRLGETEVTEKCNHIREVKSLLEELSFQKGELNVQISERKTQLTLIKQEIE
KEEENLQVVLRQMSKHKTELKNILDMLQLENHELQGLKLQHDQRVSELEKTQVAVLEE
KLELENLQQISQQQKGEIEWQKQLLERDKREIERMTAESRALQSCVECLSKEKEDLQE
KCDIWEKKLAQTKRVLAAAEENSKMEQSNLEKLELNVRKLQQELDQLNRDKLSLHNDI
SAMQQQLQEKREAVNSLQEELANVQDHLNLAKQDLLHTTKHQDVLLSEQTRLQKDISE
WANRFEDCQKEEETKQQQLQVLQNEIEENKLKLVQQEMMFQRLQKERESEESKLETSK
VTLKEQQHQLEKELTDQKSKLDQVLSKVLAAEERVRTLQEEERWCESLEKTLSQTKRQ
LSEREQQLVEKSGELLALQKEADSMRADFSLLRNQFLTERKKAEKQVASLKEALKIQR
SQLEKNLLEQKQENSCIQKEMATIELVAQDNHERARRLMKELNQMQYEYTELKKQMAN
QKDLERRQMEISDAMRTLKSEVKDEIRTSLKNLNQFLPELPADLEAILERNENLEGEL
ESLKENLPFTMNEGPFEEKLNFSQVHIMDEHWRGEALREKLRHREDRLKAQLRHCMSK
QAEVLIKGKRQTEGTLHSLRRQVDALGELVTSTSADSASSPSLSQLESSLTEDSQLGQ
NQEKNASAR"
ORIGIN

```
Query Match              76.7%;  Score 5350.8;  DB 5;  Length 5804;
Best Local Similarity    99.6%;  Pred. No. 0;
Matches 5380;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels   18;  Gaps    1;
```

```
Qy    1579 GCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAA 1638
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 GCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAA 60

Qy    1639 GACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATT 1698
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 GACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATT 120

Qy    1699 ATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCT 1758
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 ATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCT 180

Qy    1759 AAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCA 1818
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 AAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCA 240

Qy    1819 AATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGG 1878
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 AATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGG 300

Qy    1879 ACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAA 1938
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 ACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAA 360

Qy    1939 GAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTT 1998
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 GAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTT 420

Qy    1999 GCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAG 2058
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 GCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAG 480
```

```
Qy   2059 CAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCT 2118
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 CAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCT 540

Qy   2119 GAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTG 2178
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 GAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTG 600

Qy   2179 GAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAG 2238
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 GAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAG 660

Qy   2239 GAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAA 2298
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 GAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAA 720

Qy   2299 GAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAA 2358
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 GAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAA 780

Qy   2359 CAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCA 2418
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 CAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCA 840

Qy   2419 GAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAA 2478
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 GAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAA 900

Qy   2479 ATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAA 2538
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 ATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAA 960

Qy   2539 TTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGA 2598
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGA 1020

Qy   2599 AAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTC 2658
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 AAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTC 1080

Qy   2659 AGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAA 2718
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 AGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAA 1140

Qy   2719 GCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATG 2778
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 GCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATG 1200

Qy   2779 GAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGA 2838
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 GAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGA 1260

Qy   2839 ATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAG 2898
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 ATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAG 1320

Qy   2899 GAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCT 2958
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCT 1380
```

```
Qy    2959 GATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGA 3018
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 GATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGA 1440

Qy    3019 ACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGC 3078
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 ACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGC 1500

Qy    3079 AGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTG 3138
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 AGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTG 1560

Qy    3139 CAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTA 3198
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 CAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTA 1620

Qy    3199 GGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGA 3258
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 GGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGA 1680

Qy    3259 CAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAA 3318
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 CAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAA 1740

Qy    3319 GGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAG 3378
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 GGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAG 1800

Qy    3379 AATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATG 3438
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 AATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATG 1860

Qy    3439 CCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGT 3498
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 CCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGT 1920

Qy    3499 GTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGAT 3558
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 GTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGAT 1980

Qy    3559 GGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGG 3618
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 GGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGG 2040

Qy    3619 AGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAA 3678
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 AGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAA 2100

Qy    3679 GAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATG 3738
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 GAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATG 2160

Qy    3739 TATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCT 3798
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 TATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCT 2220

Qy    3799 CCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCT 3858
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 CCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCT 2280

Qy    3859 CCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATC 3918
```

```
             |||||||||||||||                 |||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 CCTGCTGGGGCCCCC-------------------CCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATC 2322

Qy   3919 CCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCT 3978
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2323 CCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCT 2382

Qy   3979 AGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGA 4038
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2383 AGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGA 2442

Qy   4039 GCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTT 4098
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2443 GCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTT 2502

Qy   4099 TTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAA 4158
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2503 TTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAA 2562

Qy   4159 CGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAA 4218
             |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db   2563 CGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTAGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAA 2622

Qy   4219 ATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAG 4278
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2623 ATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAG 2682

Qy   4279 ACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAG 4338
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2683 ACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAG 2742

Qy   4339 AGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCC 4398
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2743 AGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCC 2802

Qy   4399 AAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAA 4458
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2803 AAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAA 2862

Qy   4459 ACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAG 4518
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2863 ACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAG 2922

Qy   4519 GATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTA 4578
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2923 GATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTA 2982

Qy   4579 GCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAG 4638
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2983 GCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAG 3042

Qy   4639 CTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAG 4698
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3043 CTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAG 3102

Qy   4699 GTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAA 4758
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3103 GTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAA 3162

Qy   4759 AGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAA 4818
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    3163 AGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAA 3222

Qy    4819 AAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAA 4878
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3223 AAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAA 3282

Qy    4879 GCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAA 4938
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3283 GCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAA 3342

Qy    4939 TCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGA 4998
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3343 TCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGA 3402

Qy    4999 AAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAAGAAAATCTTCAGGTT 5058
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3403 AAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAAGAAAATCTTCAGGTT 3462

Qy    5059 GTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATTCTGGACATGTTGCAA 5118
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3463 GTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATTCTGGACATGTTGCAG 3522

Qy    5119 CTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAAAGGGTATCTGAATTA 5178
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3523 CTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAAAGGGTATCTGAATTA 3582

Qy    5179 GAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAGAATTTGCAGCAGATA 5238
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3583 GAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAGAATTTGCAGCAGATA 3642

Qy    5239 TCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTTGAGAGGGATAAACGA 5298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3643 TCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTTGAGAGGGATAAACGA 3702

Qy    5299 GAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGTGTTGAGTGTTTGAGC 5358
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3703 GAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGTGTTGAGTGTTTGAGC 3762

Qy    5359 AAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAAAAGTTGGCACAAACC 5418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3763 AAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAAAAGTTGGCACAAACC 3822

Qy    5419 AAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAATCAAACTTAGAAAAG 5478
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3823 AAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAATCAAACTTAGAAAAG 3882

Qy    5479 TTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTAAACAGAGACAAGTTG 5538
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3883 TTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTAAACAGAGACAAGTTG 3942

Qy    5539 TCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAAAAACGAGAAGCAGTA 5598
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3943 TCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAAAAACGAGAAGCAGTA 4002

Qy    5599 AACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAACCTAGCAAAACAGGAC 5658
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4003 AACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAACCTAGCAAAACAGGAC 4062

Qy    5659 CTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAG 5718
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4063 CTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAG 4122
```

Qy   5719 GACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAA 5778
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4123 GACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAA 4182

Qy   5779 CAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAA 5838
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4183 CAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAA 4242

Qy   5839 GAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACC 5898
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4243 GAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACC 4302

Qy   5899 AGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAA 5958
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4303 AGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAA 4362

Qy   5959 AGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTG 6018
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4363 AGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTG 4422

Qy   6019 CAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAG 6078
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4423 CAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAG 4482

Qy   6079 CTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAA 6138
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4483 CTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAA 4542

Qy   6139 GAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGA 6198
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4543 GAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGA 4602

Qy   6199 AAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAG 6258
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4603 AAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAG 4662

Qy   6259 CTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCA 6318
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4663 CTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCA 4722

Qy   6319 ACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTC 6378
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4723 ACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTC 4782

Qy   6379 AACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTG 6438
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4783 AACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTG 4842

Qy   6439 GAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGAT 6498
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4843 GAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGAT 4902

Qy   6499 GAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTA 6558
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4903 GAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTA 4962

Qy   6559 GAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAAC 6618
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4963 GAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAAC 5022

```
Qy     6619 CTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCAC 6678
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5023 CTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCAC 5082

Qy     6679 ATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTGCGTCACCGGGAAGAC 6738
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5083 ATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTGCGTCACCGGGAAGAC 5142

Qy     6739 CGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGA 6798
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5143 CGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGA 5202

Qy     6799 AAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAA 6858
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5203 AAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAA 5262

Qy     6859 TTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCT 6918
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5263 TTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAGTCT 5322

Qy     6919 TCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAATGCCTCAGCCAGATGA 6978
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5323 TCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAATGCCTCAGCCAGATGA 5382
```

```
RESULT 3
AY651261
LOCUS       AY651261               3735 bp    mRNA    linear   PRI 18-SEP-2005
DEFINITION  Homo sapiens centrosomal protein 1 (CEP1) mRNA, partial cds.
ACCESSION   AY651261
VERSION     AY651261.1  GI:60686982
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3735)
  AUTHORS   Guinn,B.A., Bland,E.A., Lodi,U., Liggins,A.P., Tobal,K.,
            Petters,S., Wells,J.W., Banham,A.H. and Mufti,G.J.
  TITLE     Humoral detection of leukaemia-associated antigens in presentation
            acute myeloid leukaemia
  JOURNAL   Biochem. Biophys. Res. Commun. 335 (4), 1293-1304 (2005)
   PUBMED   16112646
REFERENCE   2  (bases 1 to 3735)
  AUTHORS   Guinn,B.A., Bland,E.A. and Mufti,G.J.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (11-JUN-2004) Department of Haematological Medicine,
            Guy's, King's & St. Thomas' School of Medicine, 123 Coldharbour
            Lane, London SE5 9NU, U.K.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3735
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="9"
                     /map="9q33-q34"
     gene            <1. .>3735
                     /gene="CEP1"
     CDS             <1. .>3735
                     /gene="CEP1"
```

```
                              /codon_start=3
                              /product="centrosomal protein 1"
                              /protein_id="AAX35689.1"
                              /db_xref="GI:60686983"
                              /translation="PLDTQLEDKEKKISAAQTRLSELHDEIEKAEQQILRATEEFKQL
                              EEAIQLKKISEAGKDLLYKQLSGRLQLVNKLRQEALDLELQMEKQKQEIAGKQKEIKD
                              LQIAIDSLDSKDPKHSHMKAQKSGKEQQLDIMNKQYQQLESRLDEILSRIAKETEEIK
                              DLEEQLTEGQIAANEALKKDLEGVISGLQEYLGTIKGQATQAQNECRKLRDEKETLLQ
                              RLTEVEQERDQLEIVAMDAENMRKELAELESALQEQHEVNASLQQTQGDLSAYEAELE
                              ARLNLRDAEANQLKEELEKVTRLTQLEQSALQAELEKERQALKNALGKAQFSEEKEQE
                              NSELHAKLKHLQDDNNLLKQQLKDFQNHLNHVVDGLVRPEEVAARVDELRRKLKLGTG
                              EMNIHSPSDVLGKSLADLQKQFSEILARSKWERDEAQVRERKLQEEMALQQEKLATGQ
                              EEFRQACERALEARMNFDKRQHEARIQQMENEIHYLQENLKSMEEIQGLTDLQLQEAD
                              EEKERILAQLRELEKKKKLEDAKSQEQVFGLDKELKKLKKAVATSDKLATAELTIAKD
                              QLKSLHGTVMKINQERAEELQEAERFSRKAAQAARDLTRAEAEIELLQNLLRQKGEQF
                              RLEMEKTGVGTGANSQVLEIEKLNETMERQRTEIARLQNVLDLTGSDNKGGFENVLEE
                              IAELRREVSYQNDYISSMADPFKRRGYWYFMPPPPSSKVSSHSSQATKDSGVGLKYSA
                              STPVRKPRPGQQDGKEGSQPPPASGYWVYSPIRSGLHKLFPSRDADSGGDSQEESELD
                              DQEEPPFVPPPGYMMYTVLPDGSPVPQGMALYAPPPPLPNNSRPLTPGTVVYGPPPAG
                              APMVYGPPPPNFSIPFIPMGVLHCNVPEHHNLENEVSRLEDIMQHLKSKKREERWMRA
                              SKRQSEKEMEELHHNIDDLLQEKKSLECEVEELHRTVQKRQQQKDFIDGNVESLMTEL
                              EIEKSLKHHEDIVDEIECIEKTLLKRRSELREADRLLAEAESELSCTKEKTKNAVEKF
                              TDAKRSLLQTESDAEELERRAQETAVNLVKADQQLRSLQADAKDLEQHKIKQEEILKE
                              INKIVAAKDSDFQCLSKKKEKLTEELQKLQKDIEMAERNEDHHLQVLKESEVLLQAKR
                              AELEKLKSQVTSQQQEMAVLDRQLGHKKEELHLLQGSMVQAKADLQEALRLGETEVTE
                              KCNHIREVKSLLEELSFQKGELNVQISERKTQLTLIKQEI"
      ORIGIN
```

```
      Query Match              53.5%;   Score 3735;   DB 5;   Length 3735;
      Best Local Similarity    100.0%;  Pred. No. 0;
      Matches 3735;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;


Qy      1298 CACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGAC 1357
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1 CACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGAC 60


Qy      1358 TATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAG 1417
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        61 TATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAG 120


Qy      1418 AATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACC 1477
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       121 AATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACC 180


Qy      1478 TTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTC 1537
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       181 TTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTC 240


Qy      1538 TGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGA 1597
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       241 TGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGA 300


Qy      1598 TTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATA 1657
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       301 TTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATA 360


Qy      1658 TGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAAC 1717
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       361 TGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAAC 420


Qy      1718 AACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTA 1777
```

```
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      421  AACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTA 480

Qy     1778  AGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGG 1837
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      481  AGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGG 540

Qy     1838  ATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAA 1897
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      541  ATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAA 600

Qy     1898  CTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGAT 1957
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      601  CTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGAT 660

Qy     1958  TGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATA 2017
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      661  TGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATA 720

Qy     2018  TGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCAT 2077
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      721  TGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCAT 780

Qy     2078  CTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAA 2137
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      781  CTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAA 840

Qy     2138  ACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTA 2197
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      841  ACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTA 900

Qy     2198  CCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGA 2257
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      901  CCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGA 960

Qy     2258  ATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATG 2317
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      961  ATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATG 1020

Qy     2318  CAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCC 2377
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021  CAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCC 1080

Qy     2378  AGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTG 2437
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1081  AGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTG 1140

Qy     2438  TGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTT 2497
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1141  TGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTT 1200

Qy     2498  CAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCAC 2557
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1201  CAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCAC 1260

Qy     2558  GCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGG 2617
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1261  GCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGG 1320

Qy     2618  CTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAG 2677
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    1321 CTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAG 1380

Qy    2678 CCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGG 2737
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 CCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGG 1440

Qy    2738 AGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTA 2797
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 AGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTA 1500

Qy    2798 CAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAG 2857
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 CAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAG 1560

Qy    2858 AGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAG 2917
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 AGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAG 1620

Qy    2918 ATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTG 2977
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 ATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTG 1680

Qy    2978 AGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACC 3037
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 AGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACC 1740

Qy    3038 AGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAG 3097
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 AGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAG 1800

Qy    3098 CCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGA 3157
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 CCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGA 1860

Qy    3158 AGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCAC 3217
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 AGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCAC 1920

Qy    3218 AGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAA 3277
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 AGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAA 1980

Qy    3278 GGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTT 3337
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 GGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTT 2040

Qy    3338 TAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCA 3397
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 TAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCA 2100

Qy    3398 TGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAA 3457
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 TGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAA 2160

Qy    3458 AAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAG 3517
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 AAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAG 2220

Qy    3518 CCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAAC 3577
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 CCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAAC 2280
```

```
Qy   3578 CTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGT 3637
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 CTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGT 2340

Qy   3638 TTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACC 3697
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 TTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACC 2400

Qy   3698 AAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATG 3757
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATG 2460

Qy   3758 GTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATA 3817
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 GTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATA 2520

Qy   3818 GCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGG 3877
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 GCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGG 2580

Qy   3878 TGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATT 3937
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 TGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATT 2640

Qy   3938 GCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGC 3997
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGC 2700

Qy   3998 AGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGG 4057
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 AGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGG 2760

Qy   4058 AGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCT 4117
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 AGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCT 2820

Qy   4118 TAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACT 4177
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 TAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACT 2880

Qy   4178 TCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAAC 4237
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAAC 2940

Qy   4238 ATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCT 4297
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 ATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCT 3000

Qy   4298 CAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTA 4357
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 CAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTA 3060

Qy   4358 AAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAA 4417
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 AAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAA 3120

Qy   4418 CTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCA 4477
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 CTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCA 3180
```

```
Qy    4478 AAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAA 4537
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3181 AAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAA 3240

Qy    4538 TCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACT 4597
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3241 TCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACT 3300

Qy    4598 TCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAG 4657
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3301 TCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAG 3360

Qy    4658 ACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGG 4717
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3361 ACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGG 3420

Qy    4718 TGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGC 4777
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3421 TGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGC 3480

Qy    4778 AGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTAC 4837
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3481 AGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTAC 3540

Qy    4838 TCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGA 4897
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3541 TCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGA 3600

Qy    4898 CTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGA 4957
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3601 CTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGA 3660

Qy    4958 GTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTA 5017
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3661 GTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTA 3720

Qy    5018 TAAAGCAGGAAATTG 5032
           |||||||||||||||
Db    3721 TAAAGCAGGAAATTG 3735
```

```
RESULT 4
CQ850900
LOCUS       CQ850900                3602 bp    DNA        linear    PAT 23-AUG-2004
DEFINITION  Sequence 1369 from Patent EP1447413.
ACCESSION   CQ850900
VERSION     CQ850900.1  GI:51509112
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Isogai,T., Yamamoto,J., Nishikawa,T., Isono,Y., Sugiyama,T.,
            Otsuki,T., Wakamatsu,A., Ishii,S., Nagai,K. and Irie,R.
  TITLE     Full-length human cDNA
  JOURNAL   Patent: EP 1447413-A 1369 18-AUG-2004;
            Research Association for Biotechnology (JP)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3602
```

```
                              /organism="Homo sapiens"
                              /mol_type="unassigned DNA"
                              /db_xref="taxon:9606"
        ORIGIN

          Query Match              51.6%;   Score 3597.4;   DB 2;   Length 3602;
          Best Local Similarity    99.9%;   Pred. No. 0;
          Matches 3598;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       459 CTTATCATATAACAAAATCAGCAAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAA 518
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4 CTTATCATATAACAAAATCAGCAAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAA 63

Qy       519 GCTTAACCTTGCAGGAAATGAAATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAA 578
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        64 GCTTAACCTTGCAGGAAATGAAATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAA 123

Qy       579 ATCTTTGCGAGTCCTCAATTTGAAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAA 638
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       124 ATCTTTGCGAGTCCTCAATTTGAAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAA 183

Qy       639 GTTGAAACCGCTTCAAGATTTGATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCT 698
             |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       184 GTTGAAACTGCTTCAAGATTTGATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCT 243

Qy       699 TCCTCATTACCTCCAGTTTACCATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCA 758
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       244 TCCTCATTACCTCCAGTTTACCATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCA 303

Qy       759 GCCAGTAACCACTCAGGATAGACAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGA 818
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       304 GCCAGTAACCACTCAGGATAGACAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGA 363

Qy       819 AAGACTGGAAAGAGACCTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACA 878
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       364 AAGACTGGAAAGAGACCTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACA 423

Qy       879 AACAAGGTTCCTTGAGGAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGA 938
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       424 AACAAGGTTCCTTGAGGAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGA 483

Qy       939 GGCCATGTTACAGAAACAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGA 998
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       484 GGCCATGTTACAGAAACAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGA 543

Qy       999 ATTGCTAAAACAGAAGACCATAGAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGA 1058
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       544 ATTGCTAAAACAGAAGACCATAGAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGA 603

Qy      1059 ACAGGAATTGGCCTTTTATAAAATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATC 1118
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       604 ACAGGAATTGGCCTTTTATAAAATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATC 663

Qy      1119 AGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATA 1178
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       664 AGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATA 723

Qy      1179 CAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGAT 1238
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       724 CAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGAT 783
```

```
Qy    1239  CAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACAC  1298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     784  CAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACAC  843

Qy    1299  ACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACT  1358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     844  ACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACT  903

Qy    1359  ATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGA  1418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     904  ATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGA  963

Qy    1419  ATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCT  1478
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     964  ATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCT  1023

Qy    1479  TCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCT  1538
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1024  TCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCT  1083

Qy    1539  GGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGAT  1598
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1084  GGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGAT  1143

Qy    1599  TAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATAT  1658
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1144  TAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATAT  1203

Qy    1659  GAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACA  1718
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1204  GAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACA  1263

Qy    1719  ACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAA  1778
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1264  ACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAA  1323

Qy    1779  GGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGA  1838
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1324  GGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGA  1383

Qy    1839  TTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAAC  1898
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1384  TTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAAC  1443

Qy    1899  TCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATT  1958
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1444  TCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATT  1503

Qy    1959  GACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATAT  2018
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1504  GACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATAT  1563

Qy    2019  GAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATC  2078
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1564  GAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATC  1623

Qy    2079  TTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAA  2138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1624  TTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAA  1683

Qy    2139  CCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTAC  2198
```

```
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1684  CCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTAC 1743

Qy      2199  CCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAA 2258
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1744  CCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAA 1803

Qy      2259  TGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGC 2318
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1804  TGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGC 1863

Qy      2319  AAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCA 2378
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1864  AAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCA 1923

Qy      2379  GAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGT 2438
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1924  GAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGT 1983

Qy      2439  GGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTC 2498
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1984  GGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTC 2043

Qy      2499  AGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACG 2558
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2044  AGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACG 2103

Qy      2559  CTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGC 2618
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2104  CTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGC 2163

Qy      2619  TCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGC 2678
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2164  TCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGC 2223

Qy      2679  CCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGA 2738
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2224  CCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGA 2283

Qy      2739  GAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTAC 2798
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2284  GAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTAC 2343

Qy      2799  AGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGA 2858
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2344  AGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGA 2403

Qy      2859  GTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGA 2918
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2404  GTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGA 2463

Qy      2919  TAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGA 2978
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2464  TAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGA 2523

Qy      2979  GCTCACCATTGCCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCA 3038
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2524  GCTCACCATTGCCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCA 2583

Qy      3039  GGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGC 3098
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    2584 GGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGC 2643

Qy    3099 CAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAA 3158
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2644 CAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAA 2703

Qy    3159 GGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACA 3218
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2704 GGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACA 2763

Qy    3219 GGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAG 3278
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2764 GGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAG 2823

Qy    3279 GCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTT 3338
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2824 GCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTT 2883

Qy    3339 AGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCAT 3398
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2884 AGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCAT 2943

Qy    3399 GGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAA 3458
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2944 GGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAA 3003

Qy    3459 AGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGC 3518
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3004 AGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGC 3063

Qy    3519 CTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACC 3578
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3064 CTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACC 3123

Qy    3579 TCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTT 3638
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3124 TCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTT 3183

Qy    3639 TCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCA 3698
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3184 TCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCA 3243

Qy    3699 AGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGG 3758
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3244 AGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGG 3303

Qy    3759 TTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAG 3818
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3304 TTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAG 3363

Qy    3819 CCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGT 3878
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3364 CCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGT 3423

Qy    3879 GTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTG 3938
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3424 GTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTG 3483

Qy    3939 CAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCA 3998
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3484 CAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCA 3543
```

```
Qy      3999 GCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGG 4057
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3544 GCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGG 3602
```

RESULT 5
AK128098

```
LOCUS        AK128098              3602 bp    mRNA    linear    PRI 20-JAN-2006
DEFINITION   Homo sapiens cDNA FLJ46219 fis, clone TESTI4013742, moderately
             similar to Mus musculus antigen identified by monoclonal antibody
             2A8 (Ma2a8).
ACCESSION    AK128098
VERSION      AK128098.1  GI:34535302
KEYWORDS     oligo capping; fis (full insert sequence).
SOURCE       Homo sapiens (human)
  ORGANISM   Homo sapiens
             Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
             Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
             Hominidae; Homo.
REFERENCE    1
  AUTHORS    Tashiro,H., Yamazaki,M., Watanabe,K., Kumagai,A., Itakura,S.,
             Fukuzumi,Y., Fujimori,Y., Komiyama,M., Sugiyama,T., Irie,R.,
             Otsuki,T., Sato,H., Wakamatsu,A., Ishii,S., Yamamoto,J., Isono,Y.,
             Kawai-Hio,Y., Saito,K., Nishikawa,T., Kimura,K., Yamashita,H.,
             Matsuo,K., Nakamura,Y., Sekine,M., Kikuchi,H., Kanda,K.,
             Wagatsuma,M., Murakawa,K., Kanehori,K., Takahashi-Fujii,A.,
             Oshima,A., Sugiyama,A., Kawakami,B., Suzuki,Y., Sugano,S.,
             Nagahari,K., Masuho,Y., Nagai,K. and Isogai,T.
  TITLE      NEDO human cDNA sequencing project
  JOURNAL    Unpublished
REFERENCE    2  (bases 1 to 3602)
  AUTHORS    Isogai,T. and Yamamoto,J.
  TITLE      Direct Submission
  JOURNAL    Submitted (15-JUL-2003) Takao Isogai, Helix Research Institute,
             Genomics Laboratory; 1532-3 Yana, Kisarazu, Chiba 292-0812, Japan
             (E-mail:flj-cdna@nifty.com, Tel:81-438-52-3975, Fax:81-438-52-3986)
COMMENT      NEDO human cDNA sequencing project supported by Ministry of
             Economy, Trade and Industry of Japan; cDNA full insert sequencing:
             Research Association for Biotechnology (RAB); cDNA library
             construction: Helix Research Institute (HRI) (supported by Japan
             Key Technology Center etc.); 5'- & 3'-end one pass sequencing: RAB,
             HRI, and Biotechnology Center, National Institute of Technology and
             Evaluation; clone selection for full insert sequencing: HRI and
             RAB; annotation: Reverse Proteomics Research Institute, HRI and
             RAB.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3602
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="TESTI4013742"
                     /tissue_type="testis"
                     /clone_lib="TESTI4"
                     /note="cloning vector: pME18SFL3"
     CDS             47..>3602
                     /note="unnamed protein product"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="BAC87273.1"
                     /db_xref="GI:34535303"
                     /translation="MCNLQKLNLAGNEIEHIPVWLGKKLKSLRVLNLKGNKISSLQDI
```

SKLKLLQDLISLILVENPVVTLPHYLQFTIFHLRSLESLEGQPVTTQDRQEAFERFSL
EEVERLERDLEKKMIETEELKSKQTRFLEEIKNQDKLNKSLKEEAMLQKQSCEELKSD
LNTKNELLKQKTIELTRACQKQYELEQELAFYKIDAKFEPLNYYPSEYAEIDKAPDES
PYIGKSRYKRNMFATESYIIDSAQAVQIKKMEPDEQLRNDHMNLRGHTPLDTQLEDKE
KKISAAQTRLSELHDEIEKAEQQILRATEEFKQLEEAIQLKKISEAGKDLLYKQLSGR
LQLVNKLRQEALDLELQMEKQKQEIAGKQKEIKDLQIAIDSLDSKDPKHSHMKAQKSG
KEQQLDIMNKQYQQLESRLDEILSRIAKETEEIKDLEEQLTEGQIAANEALKKDLEGV
ISGLQEYLGTIKGQATQAQNECRKLRDEKETLLQRLTEVEQERDQLEIVAMDAENMRK
ELAELESALQEQHEVNASLQQTQGDLSAYEAELEARLNLRDAEANQLKEELEKVTRLT
QLEQSALQAELEKERQALKNALGKAQFSEEKEQENSELHAKLKHLQDDNNLLKQQLKD
FQNHLNHVVDGLVRPEEVAARVDELRRKLKLGTGEMNIHSPSDVLGKSLADLQKQFSE
ILARSKWERDEAQVRERKLQEEMALQQEKLATGQEEFRQACERALEARMNFDKRQHEA
RIQQMENEIHYLQENLKSMEEIQGLTDLQLQEADEEKERILAQLRELEKKKKLEDAKS
QEQVFGLDKELKKLKKAVATSDKLATAELTIAKDQLKSLHGTVMKINQERAEELQEAE
RFSRKAAQAARDLTRAEAEIELLQNLLRQKGEQFRLEMEKTGVGTGANSQVLEIEKLN
ETMERQRTEIARLQNVLDLTGSDNKGGFENVLEEIAELRREVSYQNDYISSMADPFKR
RGYWYFMPPPPSSKVSSHSSQATKDSGVGLKYSASTPVRKPRPGQQDGKEGSQPPPAS
GYWVYSPIRSGLHKLFPSRDADSGGDSQEESELDDQEEPPFVPPPGYMMYTVLPDGSP
VPQGMALYAPPPPLPNNSRPLTPGTVVYGPPPAGAPMVYGPPPPNFSIPFIPMGVLHC
NVPEHHNLENEVSRLEDIMQHLKSKKREERWMRASKRQS"

ORIGIN

```
Query Match            51.6%;   Score 3597.4;   DB 5;   Length 3602;
Best Local Similarity  99.9%;   Pred. No. 0;
Matches 3598;  Conservative   0;  Mismatches   1;  Indels   0;  Gaps   0;
```

```
Qy      459 CTTATCATATAACAAAATCAGCAAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAA 518
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4 CTTATCATATAACAAAATCAGCAAAATTGAAGGCATAGAAAATATGTGTAATCTGCAAAA 63

Qy      519 GCTTAACCTTGCAGGAAATGAAATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAA 578
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       64 GCTTAACCTTGCAGGAAATGAAATTGAGCATATTCCAGTATGGTTAGGGAAGAAGTTAAA 123

Qy      579 ATCTTTGCGAGTCCTCAATTTGAAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAA 638
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      124 ATCTTTGCGAGTCCTCAATTTGAAAGGCAACAAGATATCATCGCTCCAAGATATAAGCAA 183

Qy      639 GTTGAAACCGCTTCAAGATTTGATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCT 698
            ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      184 GTTGAAACTGCTTCAAGATTTGATTTCTCTGATCCTAGTTGAAAATCCAGTTGTGACCCT 243

Qy      699 TCCTCATTACCTCCAGTTTACCATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCA 758
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      244 TCCTCATTACCTCCAGTTTACCATTTTCCACCTCCGTTCATTGGAAAGTTTGGAAGGTCA 303

Qy      759 GCCAGTAACCACTCAGGATAGACAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGA 818
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      304 GCCAGTAACCACTCAGGATAGACAGGAGGCTTTTGAGAGATTCAGTTTAGAAGAGGTAGA 363

Qy      819 AAGACTGGAAAGAGACCTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACA 878
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      364 AAGACTGGAAAGAGACCTAGAAAAAAAGATGATAGAAACTGAAGAGCTTAAGAGCAAACA 423

Qy      879 AACAAGGTTCCTTGAGGAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGA 938
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      424 AACAAGGTTCCTTGAGGAAATTAAAAATCAAGATAAATTGAATAAATCATTAAAAGAGGA 483

Qy      939 GGCCATGTTACAGAAACAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGA 998
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      484 GGCCATGTTACAGAAACAGAGCTGTGAGGAACTCAAGAGTGACTTAAACACAAAAAATGA 543
```

```
Qy    999 ATTGCTAAAACAGAAGACCATAGAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGA 1058
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    544 ATTGCTAAAACAGAAGACCATAGAATTAACACGAGCATGTCAGAAGCAATATGAGCTGGA 603

Qy   1059 ACAGGAATTGGCCTTTTATAAAATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATC 1118
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    604 ACAGGAATTGGCCTTTTATAAAATTGATGCTAAATTTGAGCCACTAAATTATTATCCATC 663

Qy   1119 AGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATA 1178
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    664 AGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAAAGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATA 723

Qy   1179 CAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGAT 1238
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    724 CAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATTATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGAT 783

Qy   1239 CAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACAC 1298
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    784 CAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAATGATCACATGAACTTGAGAGGCCACAC 843

Qy   1299 ACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACT 1358
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    844 ACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAAAAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACT 903

Qy   1359 ATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGA 1418
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    904 ATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAACAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGA 963

Qy   1419 ATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCT 1478
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    964 ATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAAAAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCT 1023

Qy   1479 TCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCT 1538
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1024 TCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTTGTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCT 1083

Qy   1539 GGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGAT 1598
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1084 GGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAGCAGGAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGAT 1143

Qy   1599 TAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATAT 1658
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1144 TAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGATTCCAAAGACCCAAAACATTCCCATAT 1203

Qy   1659 GAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACA 1718
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1204 GAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGCAGTACCAACA 1263

Qy   1719 ACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAA 1778
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1264 ACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAA 1323

Qy   1779 GGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGA 1838
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1324 GGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGA 1383

Qy   1839 TTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAAC 1898
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1384 TTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAAC 1443
```

```
Qy    1899  TCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATT  1958
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1444  TCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATT  1503

Qy    1959  GACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATAT  2018
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1504  GACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATAT  1563

Qy    2019  GAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATC  2078
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1564  GAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATC  1623

Qy    2079  TTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAA  2138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1624  TTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAA  1683

Qy    2139  CCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTAC  2198
            ..|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||.||||||||||
Db    1684  CCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTAC  1743

Qy    2199  CCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAA  2258
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1744  CCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAA  1803

Qy    2259  TGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGC  2318
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1804  TGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGC  1863

Qy    2319  AAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCA  2378
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1864  AAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCA  1923

Qy    2379  GAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGT  2438
            .|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1924  GAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGT  1983

Qy    2439  GGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTC  2498
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1984  GGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTC  2043

Qy    2499  AGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACG  2558
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||·||||||
Db    2044  AGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACG  2103

Qy    2559  CTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGC  2618
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2104  CTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGC  2163

Qy    2619  TCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGC  2678
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2164  TCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGC  2223

Qy    2679  CCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGA  2738
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2224  CCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGA  2283

Qy    2739  GAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTAC  2798
            |||||||||||||||.|.||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2284  GAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTAC  2343

Qy    2799  AGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGA  2858
```

```
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2344  AGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGA  2403

Qy      2859  GTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGA  2918
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2404  GTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGA  2463

Qy      2919  TAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGA  2978
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2464  TAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGA  2523

Qy      2979  GCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCA  3038
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2524  GCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCA  2583

Qy      3039  GGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGC  3098
                    ·|||||||||||||||||||||||||||||||||||·|||||||||||||||||||||||
Db      2584  GGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGC  2643

Qy      3099  CAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAA  3158
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2644  CAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAA  2703

Qy      3159  GGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACA  3218
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2704  GGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACA  2763

Qy      3219  GGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAG  3278
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2764  GGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAG  2823

Qy      3279  GCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTT  3338
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||·||||||||||||||||||||||||
Db      2824  GCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTT  2883

Qy      3339  AGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCAT  3398
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2884  AGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCAT  2943

Qy      3399  GGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAA  3458
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2944  GGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAA  3003

Qy      3459  AGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGC  3518
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3004  AGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGC  3063

Qy      3519  CTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACC  3578
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3064  CTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACC  3123

Qy      3579  TCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTT  3638
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3124  TCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTT  3183

Qy      3639  TCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCA  3698
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3184  TCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCA  3243

Qy      3699  AGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGG  3758
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    3244 AGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGG 3303

Qy    3759 TTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAG 3818
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3304 TTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAG 3363

Qy    3819 CCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGT 3878
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3364 CCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGT 3423

Qy    3879 GTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTG 3938
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3424 GTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTG 3483

Qy    3939 CAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCA 3998
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3484 CAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCA 3543

Qy    3999 GCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGG 4057
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3544 GCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGG 3602
```

```
RESULT 6
AF083322
LOCUS       AF083322                3893 bp    mRNA    linear    PRI 20-AUG-1998
DEFINITION  Homo sapiens centriole associated protein CEP110 mRNA, complete
            cds.
ACCESSION   AF083322
VERSION     AF083322.1  GI:3435243
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3893)
  AUTHORS   Mack,G.J., Fritzler,M.J. and Rattner,J.B.
  TITLE     Cep110, a novel protein of the centriole identified with human
            autoimmune sera
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 3893)
  AUTHORS   Mack,G.J., Fritzler,M.J. and Rattner,J.B.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (24-JUL-1998) Medical Biochemistry, University of
            Calgary, 3330 Hospital Dr. NW, Calgary, AB T2N4N1, Canada
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3893
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /cell_line="Hela"
     CDS             473..3457
                     /codon_start=1
                     /product="centriole associated protein CEP110"
                     /protein_id="AAC32373.1"
                     /db_xref="GI:3435244"
                     /translation="MQHLKSKKREERWMRASKRQSEKEMEELHHNIDDLLQEKKSLEC
                     EVEELHRTVQKRQRQKDFIDGNVESLMTELEIEKSLKHHEDIVDEIECIEKTLLKRRS
                     ELREADRLLAEAESELSCTKEKTKNAVEKFTDAKRSLLQTESDAEELERRAQETAVNL
                     VKADQQLRSLQADAKDLEQHKIKQEEILKEINKIVAAKDSDFQCLSKKKEKLTEELQK
```

```
                    LQKDIEMAERNEDHHLQVLKESEVLLQAKRAELEKLKSQVTSQQQEMAVLDRQLGHKK
                    EELHLLQGSMVQAKADLQEALRLGETEVTEKCNHIREVKSLLEELSFQKGELNVQISE
                    RKTQLTLIKQEIEKEEENLQVVLRQMSKHKTELQNILDMLQLENHELQGLKLQHDQRV
                    SELEKTQVAVLEEKLELENLQQISQQQKGEIEWQKQLLERDKREIERMTAESRALQSC
                    VECLSKEKEDLQEKCDIWEKKLAQTKRVLAAAEENSKMEQSNLEKLDLNVRKLQQELD
                    QLNRDKLSLHNDISAMQQQLQEKREAVNSLQEELANVQDHLNLAKQDLLHTTKHQDVL
                    LSEQTRLQKDISEWANRFEDCQKEEETKQQQLQVLQNEIEENKLKLVQQEMMFQRLQK
                    ERESEESKLETSKVTLKEQQHQLEKELTDQKSKLDQVLSKVLAAEERVRTLQEEERWC
                    ESLEKTLSQTKRQLSEREQQLVEKSGELLALQKEADSMRADFSLLRNQFLTERKKAEK
                    QVASLKEALKIQRSQLEKNLLEQKQENSCIQKEMATIELVAQDNHERARRLMKELNQM
                    QYEYTELKKQMANQKDLERRQMEISDAMRTLKSEVKDEIRTSLKNLNQFLPELPADLE
                    AILERNENLEGELESLKENLPFTMNEGPFEEKLNFSQVHIMDEHWRGEALREKLRHRE
                    DRLKAQLRHCMSKQAEVLIKGKRQTEGTLHSLRRQVDALGELVTSTSADSASSPSLSQ
                    LESSLTEDSQLGQNQEKNASAR"
ORIGIN

  Query Match               43.1%;   Score 3008.6;   DB 5;   Length 3893;
  Best Local Similarity     99.9%;   Pred. No. 0;
  Matches 3011;  Conservative    0;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy    3964 GAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAA 4023
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     443 GAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAA 502

Qy    4024 GAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCAT 4083
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     503 GAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCAT 562

Qy    4084 AATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACAT 4143
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     563 AATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACAT 622

Qy    4144 AGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTT 4203
           |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db     623 AGAACTGTCCAGAAACGTCAACGGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTAGAGAGTCTT 682

Qy    4204 ATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATT 4263
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     683 ATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATT 742

Qy    4264 GAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTC 4323
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     743 GAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTC 802

Qy    4324 CTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAA 4383
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     803 CTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAA 862

Qy    4384 AAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAA 4443
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     863 AAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAA 922

Qy    4444 AGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTC 4503
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     923 AGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTC 982

Qy    4504 CAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAA 4563
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     983 CAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAA 1042

Qy    4564 ATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAA 4623
```

```
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1043  ATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAA  1102

Qy    4624  AAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAG  4683
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1103  AAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAG  1162

Qy    4684  GATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAG  4743
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1163  GATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAG  1222

Qy    4744  CTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGG  4803
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1223  CTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGG  1282

Qy    4804  CAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAA  4863
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1283  CAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAA  1342

Qy    4864  GCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCAC  4923
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1343  GCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCAC  1402

Qy    4924  ATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTT  4983
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1403  ATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTT  1462

Qy    4984  CAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAA  5043
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1463  CAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAA  1522

Qy    5044  GAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATT  5103
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db    1523  GAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTACAGAATATT  1582

Qy    5104  CTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAA  5163
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1583  CTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTACAACATGACCAA  1642

Qy    5164  AGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAG  5223
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1643  AGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGAG  1702

Qy    5224  AATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTT  5283
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1703  AATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCTT  1762

Qy    5284  GAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGT  5343
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1763  GAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTGT  1822

Qy    5344  GTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAA  5403
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1823  GTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAAA  1882

Qy    5404  AAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAA  5463
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1883  AAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCAA  1942

Qy    5464  TCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTA  5523
                   |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    1943  TCAAACTTAGAAAAGTTGGATTTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACTA 2002

Qy    5524  AACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAA 5583
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2003  AACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGAA 2062

Qy    5584  AAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAAC 5643
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2063  AAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAAC 2122

Qy    5644  CTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAG 5703
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2123  CTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCAG 2182

Qy    5704  ACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAA 5763
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2183  ACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGAA 2242

Qy    5764  GAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTC 5823
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2243  GAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCTC 2302

Qy    5824  AAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAA 5883
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2303  AAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGAA 2362

Qy    5884  AGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAA 5943
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2363  AGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGAA 2422

Qy    5944  TTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAG 6003
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2423  TTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGAG 2482

Qy    6004  CGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCC 6063
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2483  CGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTCC 2542

Qy    6064  CAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTG 6123
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2543  CAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCTG 2602

Qy    6124  TTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAG 6183
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2603  TTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCAG 2662

Qy    6184  TTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAG 6243
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2663  TTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAAG 2722

Qy    6244  ATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATA 6303
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2723  ATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCATA 2782

Qy    6304  CAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGC 6363
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2783  CAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCGC 2842

Qy    6364  CTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCA 6423
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2843  CTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGCA 2902
```

```
Qy    6424 AACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAA 6483
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2903 AACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAAA 2962

Qy    6484 TCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAA 6543
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2963 TCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGAA 3022

Qy    6544 CTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAA 6603
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3023 CTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGAA 3082

Qy    6604 AGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAAC 6663
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3083 AGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAAC 3142

Qy    6664 TTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTG 6723
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3143 TTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACTG 3202

Qy    6724 CGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAA 6783
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3203 CGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGAA 3262

Qy    6784 GTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTA 6843
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3263 GTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGTA 3322

Qy    6844 GATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTG 6903
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3323 GATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCTG 3382

Qy    6904 TCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAAT 6963
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3383 TCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAAT 3442

Qy    6964 GCCTCAGCCAGATGA 6978
           |||||||||||||||
Db    3443 GCCTCAGCCAGATGA 3457
```

RESULT 7
CQ724459
LOCUS   CQ724459   3882 bp   DNA   linear   PAT 03-FEB-2004
DEFINITION Sequence 10393 from Patent WO02068579.
ACCESSION   CQ724459
VERSION   CQ724459.1 GI:42285316
KEYWORDS   .
SOURCE   Homo sapiens (human)
  ORGANISM Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Venter,C.J., Adams,M.C., Li,P.W. and Myers,E.W.
  TITLE   Kits, such as nucleic acid arrays, comprising a majority of
            humanexons or transcripts, for detecting expression and other uses
            thereof
  JOURNAL   Patent: WO 02068579-A 10393 06-SEP-2002;
            PE Corporation (NY) (US)

```
FEATURES              Location/Qualifiers
      source          1. .3882
                      /organism="Homo sapiens"
                      /mol_type="unassigned DNA"
                      /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

  Query Match              43.0%;   Score 3000.8;   DB 2;   Length 3882;
  Best Local Similarity   .99.9%;   Pred. No. 0;
  Matches 3013;  Conservative    0;  Mismatches    2; Indels    1;  Gaps    1;

Qy      3964  GAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAA  4023
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       443  GAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAA  502

Qy      4024  GAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCAT  4083
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       503  GAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCAT  562

Qy      4084  AATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACAT  4143
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       563  AATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACAT  622

Qy      4144  AGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTT  4203
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       623  AGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTAGAGAGTCTT  682

Qy      4204  ATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATT  4263
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       683  ATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATT  742

Qy      4264  GAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTC  4323
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       743  GAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTC  802

Qy      4324  CTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAA  4383
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       803  CTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAA  862

Qy      4384  AAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAA  4443
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       863  AAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAA  922

Qy      4444  AGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTC  4503
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       923  AGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTC  982

Qy      4504  CAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAA  4563
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       983  CAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAA  1042

Qy      4564  ATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAA  4623
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1043  ATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAA  1102

Qy      4624  AAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAG  4683
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1103  AAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAG  1162

Qy      4684  GATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAG  4743
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     1163 GATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAG 1222

Qy     4744 CTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGG 4803
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1223 CTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGG 1282

Qy     4804 CAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAA 4863
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1283 CAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAA 1342

Qy     4864 GCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCAC 4923
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1343 GCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCAC 1402

Qy     4924 ATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTT 4983
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1403 ATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTT 1462

Qy     4984 CAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAA 5043
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1463 CAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAA 1522

Qy     5044 GAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATT 5103
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1523 GAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAACTAAAGAATATT 1582

Qy     5104 CTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTG-AAGCTACAACATGACCA 5162
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db     1583 CTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGTAAGCTACAACATGACCA 1642

Qy     5163 AAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGA 5222
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1643 AAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAACTGGAGTTAGA 1702

Qy     5223 GAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCT 5282
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1703 GAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAGAAGCAGCTCCT 1762

Qy     5283 TGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTG 5342
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1763 TGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCTTTACAATCGTG 1822

Qy     5343 TGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAA 5402
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1823 TGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGACATTTGGGAAAA 1882

Qy     5403 AAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCA 5462
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1883 AAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGCAAAATGGAGCA 1942

Qy     5463 ATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACT 5522
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1943 ATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAACTAGACCAACT 2002

Qy     5523 AAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGA 5582
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2003 AAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAGCAGCTCCAAGA 2062

Qy     5583 AAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAA 5642
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2063 AAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAAGACCATTTGAA 2122
```

```
Qy    5643 CCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCA 5702
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2123 CCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTGCTCAGTGAGCA 2182

Qy    5703 GACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGA 5762
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2183 GACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGACTGTCAGAAAGA 2242

Qy    5763 AGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCT 5822
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2243 AGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAAGAAAACAAGCT 2302

Qy    5823 CAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGA 5882
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2303 CAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGAGAAAGTGAAGA 2362

Qy    5883 AAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGA 5942
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2363 AAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAGCTGGAAAAGGA 2422

Qy    5943 ATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGA 6002
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2423 ATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTGGCAGCTGAAGA 2482

Qy    6003 GCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTC 6062
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2483 GCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAGAAGACACTCTC 2542

Qy    6063 CCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCT 6122
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2543 CCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAATCAGGTGAGCT 2602

Qy    6123 GTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCA 6182
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2603 GTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTTCTGCGGAACCA 2662

Qy    6183 GTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAA 6242
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2663 GTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAGGAAGCACTTAA 2722

Qy    6243 GATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCAT 6302
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2723 GATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAGAACAGCTGCAT 2782

Qy    6303 ACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCG 6362
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2783 ACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAGCGGGCCAGGCG 2842

Qy    6363 CCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGC 6422
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2843 CCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAGAAACAGATGGC 2902

Qy    6423 AAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAA 6482
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2903 AAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATGAGGACACTTAA 2962

Qy    6483 ATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGA 6542
           ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2963 ATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCCTGAAGAATCTTAATCAGTTTCTTCCAGA 3022
```

```
Qy    6543 ACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGA 6602
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3023 ACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAAGGAGAATTGGA 3082

Qy    6603 AAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAA 6662
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3083 AAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAAGAAAAACTGAA 3142

Qy    6663 CTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACT 6722
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3143 CTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTCCGGGAGAAACT 3202

Qy    6723 GCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGA 6782
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3203 GCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCCAAGCAAGCAGA 3262

Qy    6783 AGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGT 6842
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3263 AGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTGAGGAGACAAGT 3322

Qy    6843 AGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCT 6902
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3323 AGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCATCACCCAGTCT 3382

Qy    6903 GTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAA 6962
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3383 GTCTCAGCTGGAGTCTTCCCTCACAGAGGACTCTCAACTTGGACAAAATCAGGAAAAGAA 3442

Qy    6963 TGCCTCAGCCAGATGA 6978
           ||||||||||||||||
Db    3443 TGCCTCAGCCAGATGA 3458
```

```
RESULT 8
BC002932
LOCUS       BC002932              3037 bp    mRNA    linear   PRI 09-FEB-2006
DEFINITION  Homo sapiens centrosomal protein 110kDa, mRNA (cDNA clone
            IMAGE:3956474), partial cds.
ACCESSION   BC002932
VERSION     BC002932.2  GI:33877372
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3037)
  AUTHORS   Strausberg,R.L., Feingold,E.A., Grouse,L.H., Derge,J.G.,
            Klausner,R.D., Collins,F.S., Wagner,L., Shenmen,C.M., Schuler,G.D.,
            Altschul,S.F., Zeeberg,B., Buetow,K.H., Schaefer,C.F., Bhat,N.K.,
            Hopkins,R.F., Jordan,H., Moore,T., Max,S.I., Wang,J., Hsieh,F.,
            Diatchenko,L., Marusina,K., Farmer,A.A., Rubin,G.M., Hong,L.,
            Stapleton,M., Soares,M.B., Bonaldo,M.F., Casavant,T.L.,
            Scheetz,T.E., Brownstein,M.J., Usdin,T.B., Toshiyuki,S.,
            Carninci,P., Prange,C., Raha,S.S., Loquellano,N.A., Peters,G.J.,
            Abramson,R.D., Mullahy,S.J., Bosak,S.A., McEwan,P.J.,
            McKernan,K.J., Malek,J.A., Gunaratne,P.H., Richards,S.,
            Worley,K.C., Hale,S., Garcia,A.M., Gay,L.J., Hulyk,S.W.,
            Villalon,D.K., Muzny,D.M., Sodergren,E.J., Lu,X., Gibbs,R.A.,
            Fahey,J., Helton,E., Ketteman,M., Madan,A., Rodrigues,S.,
            Sanchez,A., Whiting,M., Madan,A., Young,A.C., Shevchenko,Y.,
```

```
                    Bouffard,G.G., Blakesley,R.W., Touchman,J.W., Green,E.D.,
                    Dickson,M.C., Rodriguez,A.C., Grimwood,J., Schmutz,J., Myers,R.M.,
                    Butterfield,Y.S., Krzywinski,M.I., Skalska,U., Smailus,D.E.,
                    Schnerch,A., Schein,J.E., Jones,S.J. and Marra,M.A.
  CONSRTM   Mammalian Gene Collection Program Team
  TITLE     Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length
            human and mouse cDNA sequences
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99 (26), 16899-16903 (2002)
  PUBMED    12477932
REFERENCE   2  (bases 1 to 3037)
  AUTHORS   .
  CONSRTM   NIH MGC Project
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (05-FEB-2001) National Institutes of Health, Mammalian
            Gene Collection (MGC), Bethesda, MD 20892-2590, USA
  REMARK    NIH-MGC Project URL: http://mgc.nci.nih.gov
COMMENT     On Aug 19, 2003 this sequence version replaced gi:13937655.
            Contact: MGC help desk
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: ATCC
            cDNA Library Preparation: Rubin Laboratory
            cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
            DNA Sequencing by: National Institutes of Health Intramural
            Sequencing Center (NISC),
            Gaithersburg, Maryland;
            Web site: http://www.nisc.nih.gov/
            Contact: nisc_mgc@nhgri.nih.gov
            Akhter,N., Ayele,K., Beckstrom-Sternberg,S.M., Benjamin,B.,
            Blakesley,R.W., Bouffard,G.G., Breen,K., Brinkley,C., Brooks,S.,
            Dietrich,N.L., Granite,S., Guan,X., Gupta,J., Haghighi,P.,
            Hansen,N., Ho,S.-L., Karlins,E., Kwong,P., Laric,P., Legaspi,R.,
            Maduro,Q.L., Masiello,C., Maskeri,B., Mastrian,S.D.,McCloskey,J.C.,
            McDowell,J., Pearson,R., Stantripop,S., Thomas,P.J., Touchman,J.W.,
            Tsurgeon,C., Vogt,J.L., Walker,M.A., Wetherby,K.D., Wiggins,L.,
            Young,A., Zhang,L.-H. and Green,E.D.

            Clone distribution: MGC clone distribution information can be found
            through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: http://image.llnl.gov
            Series: IRAL Plate: 15 Row: i Column: 20.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3037
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:3956474"
                     /tissue_type="Placenta, choriocarcinoma"
                     /clone_lib="NIH_MGC_21"
                     /lab_host="DH10B-R"
                     /note="Vector: pOTB7"
     gene            1. .>3037
                     /gene="CEP110"
                     /note="synonyms: FAN, bA165P4.1"
                     /db_xref="GeneID:11064"
                     /db_xref="HGNC:1858"
                     /db_xref="IMGT/GENE-DB:1858"
                     /db_xref="MIM:605496"
     CDS             488. .>3037
                     /gene="CEP110"
                     /codon_start=1
                     /product="CEP110 protein"
                     /protein_id="AAH02932.1"
```

```
                        /db_xref="GI:33877373"
                        /db_xref="GeneID:11064"
                        /db_xref="HGNC:1858"
                        /db_xref="IMGT/GENE-DB:1858"
                        /db_xref="MIM:605496"
                        /translation="MDAENMRKELAELESALQEQHEVNASLQQTQGDLSAYEAELEAR
                        LNLRDAEANQLKEELEKVTRLTQLEQSALQAELEKERQALKNALGKAQFSEEKEQENS
                        ELHAKLKHLQDDNNLLKQQLKDFQNHLNHVVDGLVRPEEVAARVDELRRKLKLGTGEM
                        NIHSPSDVLGKSLADLQKQFSEILARSKWERDEAQVRERKLQEEMALQQEKLATGQEE
                        FRQACERALEARMNFDKRQHEARIQQMENEIHYLQENLKSMEEIQGLTDLQLQEADEE
                        KERILAQLRELEKKKKLEDAKSQEQVFGLDKELKKLKKAVATSDKLATAELTIAKDQL
                        KSLHGTVMKINQERAEELQEAERFSRKAAQAARDLTRAEAEIELLQNLLRQKGEQFRL
                        EMEKTGVGTGANSQVLEIEKLNETMERQRTEIARLQNVLDLTGSDNKGGFENVLEEIA
                        ELRREVSYQNDYISSMADPFKRRGYWYFMPPPPSSKVSSHSSQATKDSGVGLKYSAST
                        PVRKPRPGQQDGKEGSQPPPASGYWVYSPIRSGLHKLFPSRDADSGGDSQEESELDDQ
                        EEPPFVPPPGYMMYTVLPDGSPVPQGMALYAPPPPLPNNSRPLTPGTVVYGPPPAGAP
                        MVYGPPPPNFSIPFIPMGVLHCNVPEHHNLENEVSRLEDIMQHLKSKKREERWMRASK
                        RQSEKEMEELHHNIDDLLQEKKSLECEVEELHRTVQKRQQQKDFIDGNVESLMTELEI_
                        EKSLKHHEDIVDEIECIEKTLLKRRSELREADRLLAEAESELSCTKEKTKNAVEKFTD
                        AKRSLLQTESDAEELERRAQETAVNLVKADQQLRSLQADAKDLEQHKKKKKK"
          ORIGIN

             Query Match              41.4%;   Score 2890.2;   DB 5;   Length 3037;
             Best Local Similarity    99.7%;   Pred. No. 0;
             Matches 2895;  Conservative     0;  Mismatches     8;  Indels    0;  Gaps     0;

Qy        1649 ATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 1708
               | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         135 AGTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 194

Qy        1709 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 1768
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         195 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 254

Qy        1769 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 1828
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         255 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 314

Qy        1829 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 1888
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         315 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 374

Qy        1889 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 1948
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         375 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 434

Qy        1949 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 2008
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         435 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 494

Qy        2009 CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG 2068
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         495 CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG 554

Qy        2069 TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG 2128
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         555 TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG 614

Qy        2129 CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA 2188
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         615 CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA 674
```

```
Qy    2189  CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG  2248
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     675  CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG  734

Qy    2249  CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG  2308
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     735  CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG  794

Qy    2309  AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA  2368
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     795  AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA  854

Qy    2369  AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG  2428
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     855  AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG  914

Qy    2429  CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC  2488
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     915  CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC  974

Qy    2489  ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAA  2548
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     975  ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAA  1034

Qy    2549  TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG  2608
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1035  TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG  1094

Qy    2609  AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT  2668
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1095  AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT  1154

Qy    2669  GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCC  2728
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1155  GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCC  1214

Qy    2729  AGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCC  2788
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1215  AGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCC  1274

Qy    2789  AAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCC  2848
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1275  AAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCC  1334

Qy    2849  AACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTT  2908
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1335  AACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTT  1394

Qy    2909  TTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAG  2968
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1395  TTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAG  1454

Qy    2969  CCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGA  3028
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1455  CCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGA  1514

Qy    3029  AAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAG  3088
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1515  AAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAG  1574
```

```
Qy      3089  CACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCC  3148
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1575  CACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCC  1634

Qy      3149  TCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAG  3208
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1635  TCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAG  1694

Qy      3209  CAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAG  3268
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1695  CAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAG  1754

Qy      3269  AGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTG  3328
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1755  AGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTG  1814

Qy      3329  AAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACA  3388
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db      1815  AAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACA  1874

Qy      3389  TAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCAC  3448
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db      1875  TAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCAC  1934

Qy      3449  CATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTA  3508
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1935  CATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTA  1994

Qy      3509  AGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAG  3568
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1995  AGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAG  2054

Qy      3569  GCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTAC  3628
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2055  GCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTAC  2114

Qy      3629  ATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGC  3688
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2115  ATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGC  2174

Qy      3689  TGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGC  3748
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db      2175  TGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACGGTGC  2234

Qy      3749  TTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGC  3808
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2235  TTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGC  2294

Qy      3809  CAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGG  3868
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2295  CAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGG  2354

Qy      3869  CCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTG  3928
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2355  CCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTG  2414

Qy      3929  TGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAG  3988
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2415  TGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAG  2474

Qy      3989  ACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGC  4048
```

```
                         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2475 ACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGC 2534

Qy       4049 GGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGA 4108
                         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2535 GGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGA 2594

Qy       4109 AGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGC 4168
                         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2595 AGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGC 2654

Qy       4169 AAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAAT 4228
                         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2655 AAAAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAAT 2714

Qy       4229 CACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGA 4288
                         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2715 CACTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGA 2774

Qy       4289 AACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTT 4348
                         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2775 AACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTT 2834

Qy       4349 CATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTT 4408
                         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2835 CATGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTT 2894

Qy       4409 TATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTA 4468
                         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2895 TATTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTA 2954

Qy       4469 ACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGC 4528
                         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2955 ACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGC 3014

Qy       4529 AGCACAAAATCAAGCAAGAAGAA 4551
                         ||||||||||  ||  ||  ||  ||
Db       3015 AGCACAAAAAAAAAAAAAAAAA 3037
```

RESULT 9
CS168804
```
LOCUS       CS168804                3044 bp    DNA      linear    PAT 05-OCT-2005
DEFINITION  Sequence 2049 from Patent EP1580263.
ACCESSION   CS168804
VERSION     CS168804.1  GI:77155917
KEYWORDS     .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Isogai,T.
  TITLE     Full-length cDNA sequences
  JOURNAL   Patent: EP 1580263-A 2049 28-SEP-2005;
            Research Association for Biotech nology (JP)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1.'.3044
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
```
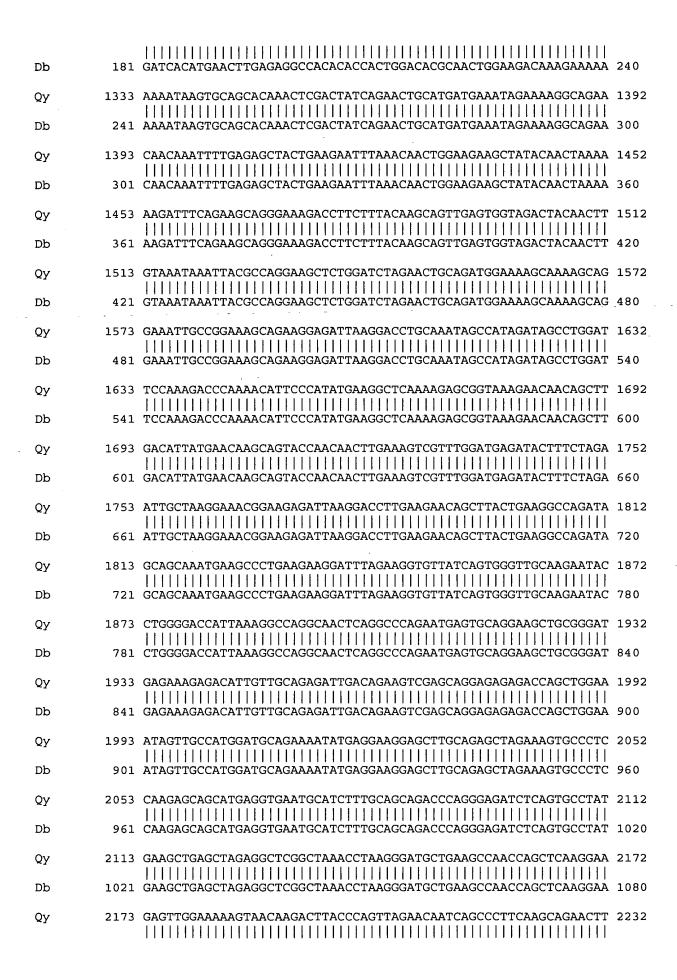
                         /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

   Query Match   41.2%;   Score 2873.6;   DB 2;   Length 3044;
   Best Local Similarity   99.9%;   Pred. No. 0;
   Matches 2876; Conservative   0; Mismatches   4; Indels   0; Gaps   0;

Qy   1093 TTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAA 1152
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 TTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAA 60

Qy   1153 AGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATT 1212
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61 AGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATT 120

Qy   1213 ATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAAT 1272
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 ATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAAT 180

Qy   1273 GATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAA 1332
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 GATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAA 240

Qy   1333 AAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAA 1392
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 AAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAA 300

Qy   1393 CAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAA 1452
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 CAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAA 360

Qy   1453 AAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTT 1512
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 AAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTT 420

Qy   1513 GTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAG 1572
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 GTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAG 480

Qy   1573 GAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGAT 1632
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 GAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGAT 540

Qy   1633 TCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTT 1692
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 TCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTT 600

Qy   1693 GACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGA 1752
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601 GACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGA 660

Qy   1753 ATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATA 1812
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661 ATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATA 720

Qy   1813 GCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATAC 1872
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721 GCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATAC 780

Qy   1873 CTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGAT 1932
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

```
Db     781 CTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGAT 840

Qy    1933 GAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAA 1992
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 GAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAA 900

Qy    1993 ATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTC 2052
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 ATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTC 960

Qy    2053 CAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTAT 2112
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 CAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTAT 1020

Qy    2113 GAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAA 2172
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 GAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAA 1080

Qy    2173 GAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTT 2232
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTT 1140

Qy    2233 GAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAG 2292
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 GAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAG 1200

Qy    2293 GAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTG 2352
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 GAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTG 1260

Qy    2353 TTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTT 2412
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 TTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTT 1320

Qy    2413 CGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACT 2472
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 CGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACT 1380

Qy    2473 GGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAG 2532
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 GGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAG 1440

Qy    2533 AAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGA 2592
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 AAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGA 1500

Qy    2593 GAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAA 2652
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 GAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAA 1560

Qy    2653 GAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAA 2712
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 GAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAA 1620

Qy    2713 CATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAA 2772
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 CATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAA 1680

Qy    2773 AGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAG 2832
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 AGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAG 1740
```

```
Qy   2833 GAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAA 2892
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 GAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAA 1800

Qy   2893 TCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCC 2952
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 TCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCC 1860

Qy   2953 ACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTT 3012
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 ACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTT 1920

Qy   3013 CATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGG 3072
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 CATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGG 1980

Qy   3073 TTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAA 3132
          |:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAA 2040

Qy   3133 CTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACA 3192
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACA 2100

Qy   3193 GGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATG 3252
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 GGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATG 2160

Qy   3253 GAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGAC 3312
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 GAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGAC 2220

Qy   3313 AACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCT 3372
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCT 2280

Qy   3373 TATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTAC 3432
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 TATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTAC 2340

Qy   3433 TTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGAC 3492
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 TTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGAC 2400

Qy   3493 TCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAG 3552
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 TCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAG 2460

Qy   3553 CAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCC 3612
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 CAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCC 2520

Qy   3613 ATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGT 3672
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 ATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGT 2580

Qy   3673 CAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATAC 3732
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATAC 2640
```

```
Qy    3733 ATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCA 3792
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 ATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCA 2700

Qy    3793 CCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGC 3852
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 CCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGC 2760

Qy    3853 CCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCC 3912
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 CCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCC 2820

Qy    3913 TTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAA 3972
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | || |
Db    2821 TTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGTAAGTGGA 2880
```

RESULT 10
AX834925
LOCUS   AX834925   3044 bp   DNA   linear   PAT 15-DEC-2003
DEFINITION Sequence 2049 from Patent EP1347046.
ACCESSION   AX834925
VERSION   AX834925.1 GI:39921060
KEYWORDS   .
SOURCE   Homo sapiens (human)
  ORGANISM Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Isogai,T., Sugiyama,T., Otsuki,T., Wakamatsu,A., Sato,H., Ishii,S.,
            Yamamoto,J.I., Isono,Y., Hio,Y., Otsuka,K., Nagai,K., Irie,R.,
            Tamechika,I., Seki,N., Yoshikawa,T., Otsuka,M., Nagahari,K. and
            Masuho,Y.
  TITLE   Full-length cDNA sequences
  JOURNAL   Patent: EP 1347046-A 2049 24-SEP-2003;
            Research Association for Biotechnology (JP)
FEATURES   Location/Qualifiers
     source   1. .3044
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

  Query Match   41.2%;   Score 2873.6; DB 2;   Length 3044;
  Best Local Similarity   99.9%;   Pred. No. 0;
  Matches 2876; Conservative   0; Mismatches   4; Indels   0; Gaps   0;

```
Qy    1093 TTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAA 1152
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 TTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAA 60

Qy    1153 AGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATT 1212
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATT 120

Qy    1213 ATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAAT 1272
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 ATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAAT 180

Qy    1273 GATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAA 1332
```

```
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181  GATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAA  240

Qy       1333  AAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAA  1392
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241  AAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAA  300

Qy       1393  CAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAA  1452
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301  CAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAA  360

Qy       1453  AAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTT  1512
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361  AAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTT  420

Qy       1513  GTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAG  1572
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421  GTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAG  480

Qy       1573  GAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGAT  1632
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481  GAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGAT  540

Qy       1633  TCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTT  1692
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541  TCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTT  600

Qy       1693  GACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGA  1752
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601  GACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGA  660

Qy       1753  ATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATA  1812
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661  ATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATA  720

Qy       1813  GCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATAC  1872
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721  GCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATAC  780

Qy       1873  CTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGAT  1932
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781  CTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGAT  840

Qy       1933  GAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAA  1992
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841  GAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAA  900

Qy       1993  ATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTC  2052
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901  ATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTC  960

Qy       2053  CAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTAT  2112
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961  CAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTAT  1020

Qy       2113  GAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAA  2172
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021  GAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAA  1080

Qy       2173  GAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTT  2232
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   1081 GAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTT 1140

Qy   2233 GAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAG 2292
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 GAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAG 1200

Qy   2293 GAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTG 2352
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 GAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTG 1260

Qy   2353 TTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTT 2412
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTT 1320

Qy   2413 CGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACT 2472
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 CGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACT 1380

Qy   2473 GGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAG 2532
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 GGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAG 1440

Qy   2533 AAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGA 2592
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 AAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGA 1500

Qy   2593 GAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAA 2652
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 GAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAA 1560

Qy   2653 GAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAA 2712
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 GAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAA 1620

Qy   2713 CATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAA 2772
          |·||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 CATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAA 1680

Qy   2773 AGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAG 2832
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAG 1740

Qy   2833 GAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAA 2892
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 GAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAA 1800

Qy   2893 TCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCC 2952
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 TCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCC 1860

Qy   2953 ACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTT 3012
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 ACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTT 1920

Qy   3013 CATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGG 3072
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 CATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGG 1980

Qy   3073 TTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAA 3132
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAA 2040
```

```
Qy    3133 CTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACA 3192
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 CTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACA 2100

Qy    3193 GGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATG 3252
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 GGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATG 2160

Qy    3253 GAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGAC 3312
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 GAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGAC 2220

Qy    3313 AACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCT 3372
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 AACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCT 2280

Qy    3373 TATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTAC 3432
           |·|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 TATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTAC 2340

Qy    3433 TTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGAC 3492
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 TTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGAC 2400

Qy    3493 TCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAG 3552
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2401 TCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAG 2460

Qy    3553 CAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCC 3612
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2461 CAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCC 2520

Qy    3613 ATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGT 3672
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 ATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGT 2580

Qy    3673 CAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATAC 3732
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 CAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATAC 2640

Qy    3733 ATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCA 3792
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 ATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCA 2700

Qy    3793 CCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGC 3852
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 CCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGC 2760

Qy    3853 CCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCC 3912
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 CCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCC 2820

Qy    3913 TTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAA 3972
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||| |
Db    2821 TTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGTAAGTGGA 2880
```

```
RESULT 11
AK097636
LOCUS       AK097636                3044 bp    mRNA      linear     PRI 20-JAN-2006
```

```
DEFINITION    Homo sapiens cDNA FLJ40317 fis, clone TESTI2030554, moderately
              similar to M.musculus mRNA for IB3/5-polypeptide.
ACCESSION     AK097636
VERSION       AK097636.1  GI:21757469
KEYWORDS      oligo capping; fis (full insert sequence).
SOURCE        Homo sapiens (human)
  ORGANISM    Homo sapiens
              Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
              Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
              Hominidae; Homo.
REFERENCE     1
  AUTHORS     Ota,T., Suzuki,Y., Nishikawa,T., Otsuki,T., Sugiyama,T., Irie,R.,
              Wakamatsu,A., Hayashi,K., Sato,H., Nagai,K., Kimura,K., Makita,H.,
              Sekine,M., Obayashi,M., Nishi,T., Shibahara,T., Tanaka,T.,
              Ishii,S., Yamamoto,J., Saito,K., Kawai,Y., Isono,Y., Nakamura,Y.,
              Nagahari,K., Murakami,K., Yasuda,T., Iwayanagi,T., Wagatsuma,M.,
              Shiratori,A., Sudo,H., Hosoiri,T., Kaku,Y., Kodaira,H., Kondo,H.,
              Sugawara,M., Takahashi,M., Kanda,K., Yokoi,T., Furuya,T.,
              Kikkawa,E., Omura,Y., Abe,K., Kamihara,K., Katsuta,N., Sato,K.,
              Tanikawa,M., Yamazaki,M., Ninomiya,K., Ishibashi,T., Yamashita,H.,
              Murakawa,K., Fujimori,K., Tanai,H., Kimata,M., Watanabe,M.,
              Hiraoka,S., Chiba,Y., Ishida,S., Ono,Y., Takiguchi,S., Watanabe,S.,
              Yosida,M., Hotuta,T., Kusano,J., Kanehori,K., Takahashi-Fujii,A.,
              Hara,H., Tanase,T.O., Nomura,Y., Togiya,S., Komai,F., Hara,R.,
              Takeuchi,K., Arita,M., Imose,N., Musashino,K., Yuuki,H., Oshima,A.,
              Sasaki,N., Aotsuka,S., Yoshikawa,Y., Matsunawa,H., Ichihara,T.,
              Shiohata,N., Sano,S., Moriya,S., Momiyama,H., Satoh,N., Takami,S.,
              Terashima,Y., Suzuki,O., Nakagawa,S., Senoh,A., Mizoguchi,H.,
              Goto,Y., Shimizu,F., Wakebe,H., Hishigaki,H., Watanabe,T.,
              Sugiyama,A., Takemoto,M., Kawakami,B., Yamazaki,M., Watanabe,K.,
              Kumagai,A., Itakura,S., Fukuzumi,Y., Fujimori,Y., Komiyama,M.,
              Tashiro,H., Tanigami,A., Fujiwara,T., Ono,T., Yamada,K., Fujii,Y.,
              Ozaki,K., Hirao,M., Ohmori,Y., Kawabata,A., Hikiji,T., Kobatake,N.,
              Inagaki,H., Ikema,Y., Okamoto,S., Okitani,R., Kawakami,T.,
              Noguchi,S., Itoh,T., Shigeta,K., Senba,T., Matsumura,K.,
              Nakajima,Y., Mizuno,T., Morinaga,M., Sasaki,M., Togashi,T.,
              Oyama,M., Hata,H., Watanabe,M., Komatsu,T., Mizushima-Sugano,J.,
              Satoh,T., Shirai,Y., Takahashi,Y., Nakagawa,K., Okumura,K.,
              Nagase,T., Nomura,N., Kikuchi,H., Masuho,Y., Yamashita,R.,
              Nakai,K., Yada,T., Nakamura,Y., Ohara,O., Isogai,T. and Sugano,S.
  TITLE       Complete sequencing and characterization of 21,243 full-length
              human cDNAs
  JOURNAL     Nat. Genet. 36 (1), 40-45 (2004)
   PUBMED     14702039
REFERENCE     2
  AUTHORS     Kanehori,K., Ishibashi,T., Chiba,Y., Fujimori,K., Hiraoka,S.,
              Tanai,H., Watanabe,S., Ishida,S., Ono,Y., Hotuta,T., Watanabe,M.,
              Sugiyama,T., Irie,R., Otsuki,T., Sato,H., Wakamatsu,A., Ishii,S.,
              Yamamoto,J., Isono,Y., Kawai-Hio,Y., Saito,K., Nishikawa,T.,
              Kimura,K., Matsuo,K., Nakamura,Y., Sekine,M., Kikuchi,H., Kanda,K.,
              Wagatsuma,M., Takahashi-Fujii,A., Oshima,A., Sugiyama,A.,
              Kawakami,B., Suzuki,Y., Sugano,S., Nagahari,K., Masuho,Y., Nagai,K.
              and Isogai,T.
  TITLE       NEDO human cDNA sequencing project
  JOURNAL     Unpublished
REFERENCE     3  (bases 1 to 3044)
  AUTHORS     Isogai,T. and Yamamoto,J.
  TITLE       Direct Submission
  JOURNAL     Submitted (04-JUL-2002) Takao Isogai, Helix Research Institute,
              Genomics Laboratory; 1532-3 Yana, Kisarazu, Chiba 292-0812, Japan
              (E-mail:flj-cdna@nifty.com, Tel:81-438-52-3975, Fax:81-438-52-3986)
```

COMMENT   NEDO human cDNA sequencing project supported by Ministry of
              Economy, Trade and Industry of Japan; cDNA full insert sequencing:
              Research Association for Biotechnology (RAB); cDNA library
              construction: Helix Research Institute (HRI) (supported by Japan
              Key Technology Center etc.); 5'- & 3'-end one pass sequencing: RAB,
              HRI, and Biotechnology Center, National Institute of Technology and
              Evaluation; clone selection for full insert sequencing: HRI and
              RAB; annotation: HRI and RAB.
FEATURES   Location/Qualifiers
     source   1. .3044
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="TESTI2030554"
                     /tissue_type="testis"
                     /clone_lib="TESTI2"
                     /note="cloning vector: pME18SFL3"
ORIGIN

     Query Match   41.2%;   Score 2873.6;   DB 5;   Length 3044;
     Best Local Similarity   99.9%;   Pred. No. 0;
     Matches 2876; Conservative   0; Mismatches   4; Indels   0; Gaps   0;

Qy   1093 TTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAA 1152
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 TTTGAGCCACTAAATTATTATCCATCAGAGTATGCTGAAATTGATAAAGCCCCAGATGAA 60

Qy   1153 AGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATT 1212
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61 AGCCCTTACATTGGCAAATCCAGATACAAGAGAAATATGTTTGCCACAGAGAGTTATATT 120

Qy   1213 ATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAAT 1272
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 ATTGACAGTGCTCAGGCAGTACAGATCAAGAAGATGGAGCCAGATGAACAACTTAGAAAT 180

Qy   1273 GATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAA 1332
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 GATCACATGAACTTGAGAGGCCACACACCACTGGACACGCAACTGGAAGACAAAGAAAAA 240

Qy   1333 AAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAA 1392
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 AAAATAAGTGCAGCACAAACTCGACTATCAGAACTGCATGATGAAATAGAAAAGGCAGAA 300

Qy   1393 CAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAA 1452
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 CAACAAATTTTGAGAGCTACTGAAGAATTTAAACAACTGGAAGAAGCTATACAACTAAAA 360

Qy   1453 AAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTT 1512
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 AAGATTTCAGAAGCAGGGAAAGACCTTCTTTACAAGCAGTTGAGTGGTAGACTACAACTT 420

Qy   1513 GTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAG 1572
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 GTAAATAAATTACGCCAGGAAGCTCTGGATCTAGAACTGCAGATGGAAAAGCAAAAGCAG 480

Qy   1573 GAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGAT 1632
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 GAAATTGCCGGAAAGCAGAAGGAGATTAAGGACCTGCAAATAGCCATAGATAGCCTGGAT 540

Qy   1633 TCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTT 1692
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

```
Db     541 TCCAAAGACCCAAAACATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTT 600

Qy    1693 GACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGA 1752
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 GACATTATGAACAAGCAGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGA 660

Qy    1753 ATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATA 1812
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 ATTGCTAAGGAAACGGAAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATA 720

Qy    1813 GCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATAC 1872
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 GCAGCAAATGAAGCCCTGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATAC 780

Qy    1873 CTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGAT 1932
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 CTGGGGACCATTAAAGGCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGAT 840

Qy    1933 GAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAA 1992
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 GAGAAAGAGACATTGTTGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAA 900

Qy    1993 ATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTC 2052
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 ATAGTTGCCATGGATGCAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTC 960

Qy    2053 CAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTAT 2112
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 CAAGAGCAGCATGAGGTGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTAT 1020

Qy    2113 GAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAA 2172
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 GAAGCTGAGCTAGAGGCTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAA 1080

Qy    2173 GAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTT 2232
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GAGTTGGAAAAAGTAACAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTT 1140

Qy    2233 GAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAG 2292
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 GAGAAGGAAAGGCAAGCCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAG 1200

Qy    2293 GAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTG 2352
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 GAGCAAGAGAACAGTGAGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTG 1260

Qy    2353 TTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTT 2412
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 TTAAAACAGCAACTTAAAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTT 1320

Qy    2413 CGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACT 2472
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 CGTCCAGAAGAAGTGGCAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACT 1380

Qy    2473 GGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAG 2532
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 GGGGAAATGAACATCCATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAG 1440

Qy    2533 AAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGA 2592
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 AAACAATTCAGTGAAATTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGA 1500
```

```
Qy   2593 GAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAA 2652
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 GAGAGAAAACTCCAAGAAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAA 1560

Qy   2653 GAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAA 2712
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 GAGTTCAGGCAGGCCTGTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAA 1620

Qy   2713 CATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAA 2772
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 CATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAA 1680

Qy   2773 AGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAG 2832
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAG 1740

Qy   2833 GAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAA 2892
          -||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 GAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAA 1800

Qy   2893 TCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCC 2952
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 TCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCC 1860

Qy   2953 ACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTT 3012
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 ACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTT 1920

Qy   3013 CATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGG 3072
          |·|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 CATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGG 1980

Qy   3073 TTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAA 3132
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAA 2040

Qy   3133 CTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACA 3192
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACA 2100

Qy   3193 GGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATG 3252
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 GGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATG 2160

Qy   3253 GAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGAC 3312
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 GAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGAC 2220

Qy   3313 AACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCT 3372
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCT 2280

Qy   3373 TATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTAC 3432
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 TATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTAC 2340

Qy   3433 TTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGAC 3492
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 TTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGAC 2400
```

```
Qy     3493 TCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAG 3552
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2401 TCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAG 2460

Qy     3553 CAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCC 3612
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2461 CAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCC 2520

Qy     3613 ATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGT 3672
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2521 ATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGT 2580

Qy     3673 CAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATAC 3732
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2581 CAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATAC 2640

Qy     3733 ATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCA 3792
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2641 ATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCA 2700

Qy     3793 CCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGC 3852
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2701 CCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGC 2760

Qy     3853 CCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCC 3912
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2761 CCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCC 2820

Qy     3913 TTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAA 3972
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | ||| |
Db     2821 TTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGTAAGTGGA 2880
```

```
RESULT 12
BC009287
LOCUS        BC009287              2803 bp    mRNA    linear    PRI 09-FEB-2006
DEFINITION   Homo sapiens centrosomal protein 110kDa, mRNA (cDNA clone
             IMAGE:4123463).
ACCESSION    BC009287
VERSION      BC009287.2  GI:39644860
KEYWORDS     .
SOURCE       Homo sapiens (human)
  ORGANISM   Homo sapiens
             Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
             Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
             Hominidae; Homo.
REFERENCE    1  (bases 1 to 2803)
  AUTHORS    Strausberg,R.L., Feingold,E.A., Grouse,L.H., Derge,J.G.,
             Klausner,R.D., Collins,F.S., Wagner,L., Shenmen,C.M., Schuler,G.D.,
             Altschul,S.F., Zeeberg,B., Buetow,K.H., Schaefer,C.F., Bhat,N.K.,
             Hopkins,R.F., Jordan,H., Moore,T., Max,S.I., Wang,J., Hsieh,F.,
             Diatchenko,L., Marusina,K., Farmer,A.A., Rubin,G.M., Hong,L.,
             Stapleton,M., Soares,M.B., Bonaldo,M.F., Casavant,T.L.,
             Scheetz,T.E., Brownstein,M.J., Usdin,T.B., Toshiyuki,S.,
             Carninci,P., Prange,C., Raha,S.S., Loquellano,N.A., Peters,G.J.,
             Abramson,R.D., Mullahy,S.J., Bosak,S.A., McEwan,P.J.,
             McKernan,K.J., Malek,J.A., Gunaratne,P.H., Richards,S.,
             Worley,K.C., Hale,S., Garcia,A.M., Gay,L.J., Hulyk,S.W.,
             Villalon,D.K., Muzny,D.M., Sodergren,E.J., Lu,X., Gibbs,R.A.,
             Fahey,J., Helton,E., Ketteman,M., Madan,A., Rodrigues,S.,
             Sanchez,A., Whiting,M., Madan,A., Young,A.C., Shevchenko,Y.,
```

```
                    Bouffard,G.G., Blakesley,R.W., Touchman,J.W., Green,E.D.,
                    Dickson,M.C., Rodriguez,A.C., Grimwood,J., Schmutz,J., Myers,R.M.,
                    Butterfield,Y.S., Krzywinski,M.I., Skalska,U., Smailus,D.E.,
                    Schnerch,A., Schein,J.E., Jones,S.J. and Marra,M.A.
      CONSRTM       Mammalian Gene Collection Program Team
      TITLE         Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length
                    human and mouse cDNA sequences
      JOURNAL       Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99 (26), 16899-16903 (2002)
      PUBMED        12477932
  REFERENCE         2  (bases 1 to 2803)
      AUTHORS       .
      CONSRTM       NIH MGC Project
      TITLE         Direct Submission
      JOURNAL       Submitted (12-JUN-2001) National Institutes of Health, Mammalian
                    Gene Collection (MGC), Bethesda, MD 20892-2590, USA
      REMARK        NIH-MGC Project URL: http://mgc.nci.nih.gov
  COMMENT           On Dec 9, 2003 this sequence version replaced gi:14627275.
                    Contact: MGC help desk
                    Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
                    Tissue Procurement: ATCC
                    cDNA Library Preparation: Rubin Laboratory
                    cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
                    DNA Sequencing by: National Institutes of Health Intramural
                    Sequencing Center (NISC),
                    Gaithersburg, Maryland;
                    Web site: http://www.nisc.nih.gov/
                    Contact: nisc_mgc@nhgri.nih.gov
                    Akhter,N., Ayele,K., Beckstrom-Sternberg,S.M., Benjamin,B.,
                    Blakesley,R.W., Bouffard,G.G., Breen,K., Brinkley,C., Brooks,S.,
                    Dietrich,N.L., Granite,S., Guan,X., Gupta,J., Haghighi,P.,
                    Hansen,N., Ho,S.-L., Karlins,E., Kwong,P., Laric,P., Legaspi,R.,
                    Maduro,Q.L., Masiello,C., Maskeri,B., Mastrian,S.D.,McCloskey,J.C.,
                    McDowell,J., Pearson,R., Stantripop,S., Thomas,P.J., Touchman,J.W.,
                    Tsurgeon,C., Vogt,J.L., Walker,M.A., Wetherby,K.D., Wiggins,L.,
                    Young,A., Zhang,L.-H. and Green,E.D.

                    Clone distribution: MGC clone distribution information can be found
                    through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: http://image.llnl.gov
                    Series: IRAL Plate: 20 Row: d Column: 2.
  FEATURES          Location/Qualifiers
      source        1. .2803
                    /organism="Homo sapiens"
                    /mol_type="mRNA"
                    /db_xref="taxon:9606"
                    /clone="IMAGE:4123463"
                    /tissue_type="Muscle, rhabdomyosarcoma"
                    /clone_lib="NIH_MGC_17"
                    /lab_host="DH10B-R"
                    /note="Vector: pOTB7"
  ORIGIN

    Query Match                39.9%;  Score 2786.8;  DB 5;  Length 2803;
    Best Local Similarity      99.7%;  Pred. No. 0;
    Matches 2791;  Conservative    0;  Mismatches    7;  Indels    0;  Gaps    0;


Qy      2251 CTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAG 2310
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1 CTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTGAG 60


Qy      2311 CTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAA 2370
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db         61 CTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTAAA 120

Qy       2371 GATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCA 2430
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGGCA 180

Qy       2431 GCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCAT 2490
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCCAT 240

Qy       2491 AGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATT 2550
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 AGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAATT 300

Qy       2551 CTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAA 2610
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAGAA 360

Qy       2611 GAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGT 2670
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCTGT 420

Qy       2671 GAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAG 2730
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 GAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAATGAATTTTGATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAG 480

Qy       2731 CAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAA 2790
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAAGAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAA 540

Qy       2791 GGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAA 2850
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCTGATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAA 600

Qy       2851 CTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTT 2910
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTTGAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTT 660

Qy       2911 GGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCC 2970
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAGAAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCC 720

Qy       2971 ACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAA 3030
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAGCTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAA 780

Qy       3031 ATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCA 3090
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 ATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAGGAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCA 840

Qy       3091 CAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTC 3150
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 CAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAAGCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTC 900

Qy       3151 AGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCA 3210
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAGATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCA 960

Qy       3211 AACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAG 3270
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 AACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTGAATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAG 1020
```

```
Qy    3271 ATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAA 3330
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 ATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTCACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAA 1080

Qy    3331 AATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATA 3390
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 AATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGACGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATA 1140

Qy    3391 AGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCA 3450
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 AGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGAGGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCA 1200

Qy    3451 TCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAG 3510
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 TCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAG 1260

Qy    3511 TACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGC 3570
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 TACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGC 1320

Qy    3571 AGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACAT 3630
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 AGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACAT 1380

Qy    3631 AAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTG 3690
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 AAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTG 1440

Qy    3691 GATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTT 3750
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 GATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTT 1500

Qy    3751 CCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCA 3810
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 CCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCA 1560

Qy    3811 AACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCC 3870
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 AACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCC 1620

Qy    3871 CCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTG 3930
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 CCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTG 1680

Qy    3931 CTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGAC 3990
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 CTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGAC 1740

Qy    3991 ATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGG 4050
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 ATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGG 1800

Qy    4051 CAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAG 4110
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 CAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAG 1860

Qy    4111 AAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAA 4170
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 AAAAGCTTAGAGTGTGAAGTAGAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAA 1920
```

```
Qy   4171 AAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCA 4230
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AAGGACTTCATTGATGGAAATGTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCA 1980

Qy   4231 CTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAA 4290
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 CTCAAACATCATGAAGATATTGTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAA 2040

Qy   4291 CGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCA 4350
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGTCGCTCAGAGCTCAGGGAAGCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCA 2100

Qy   4351 TGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTA 4410
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 TGCACTAAAGAAAAGACAAAAAATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTA 2160

Qy   4411 TTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAAC 4470
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 TTGCAAACTGAGTCAGATGCTGAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAAC 2220

Qy   4471 CTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAG 4530
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 CTCGTCAAAGCTGATCAGCAGCTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAG 2280

Qy   4531 CACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGAC 4590
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 CACAAAATCAAGCAAGAAGAAATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGAC 2340

Qy   4591 TCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTA 4650
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 TCAGACTTCCAATGTTTAAGCAAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTA 2400

Qy   4651 CAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAA 4710
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 CAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAA 2460

Qy   4711 TCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACA 4770
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 TCTGAGGTGCTTCTTCAGGCCAAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACA 2520

Qy   4771 AGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTG 4830
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 AGTCAGCAGCAGGAGATGGCTGTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTG 2580

Qy   4831 CATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTG 4890
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CATCTACTCCAAGGAAGCATGGTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTG 2640

Qy   4891 GGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAA 4950
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GGAGAGACTGAAGTAACTGAGAAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAATCTCTTCTGGAA 2700

Qy   4951 GAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTT 5010
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GAACTGAGTTTTCAGAAAGGAGAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTT 2760

Qy   5011 ACACTTATAAAGCAGGAAATTGAAAAAGAGGAAGAAAA 5048
          ||||||||||||||||||||||    |||||| |  || |||||
Db   2761 ACACTTATAAAGCAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 2798
```

```
RESULT 13
AK131139
LOCUS        AK131139                3974 bp    mRNA     linear    ROD 01-MAR-2005
DEFINITION   Mus musculus mRNA for mFLJ00150 protein.
ACCESSION    AK131139
VERSION      AK131139.1  GI:47847433
KEYWORDS     FLI_CDNA.
SOURCE       Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM   Mus musculus
             Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
             Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
             Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE    1
  AUTHORS    Okazaki,N., Kikuno,R., Ohara,R., Inamoto,S., Koseki,H., Hiraoka,S.,
             Saga,Y., Kitamura,H., Nakagawa,T., Nagase,T., Ohara,O. and Koga,H.
  TITLE      Prediction of the Coding Sequences of Mouse Homologues of FLJ
             Genes: The Complete Nucleotide Sequences of 110 Mouse
             FLJ-Homologous cDNAs Identified by Screening of Terminal Sequences
             of cDNA Clones Randomly Sampled from Size-Fractionated Libraries
  JOURNAL    DNA Res. 11, 167-180 (2004)
REFERENCE    2  (bases 1 to 3974)
  AUTHORS    Okazaki,N., Kikuno,R., Nagase,T., Ohara,O. and Koga,H.
  TITLE      Direct Submission
  JOURNAL    Submitted (04-FEB-2004) Hisashi Koga, Kazusa DNA Research
             Institute, Laboratory for Genome Informatics; 2-6-7
             Kazusa-kamatari, Kisarazu, Chiba, 292-0818, Japan
             (E-mail:mouse@kazusa.or.jp, Tel:81-438-52-3919, Fax:81-438-52-3918)
COMMENT      The CREATE program supported by Japan science and technology
             corporation; cDNA full insert sequencing: Kazusa DNA Research
             Institute; cDNA library construction, clone selection and 5'- &
             3'-end one pass sequencing.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3974
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="mfj11357"
                     /tissue_type="fetal brain"
                     /note="vector:modified pBC SK+"
     gene            <1. .3974
                     /gene="mFLJ00150"
     CDS             <1. .3525
                     /gene="mFLJ00150"
                     /inference="non-experimental evidence, no additional
                     details recorded"
                     /note="CDS is predicted by in silico analysis. Start codon
                     is not identified."
                     /codon_start=1
                     /product="mFLJ00150 protein"
                     /protein_id="BAD21389.1"
                     /db_xref="GI:47847434"
                     /translation="SSQATKDSGLGLKYTASTPLRKPQPGQQEEKDSSGPLPASGYWV
                     YSPIRSTLHKSFSKRDADSGGDSQEESGLDDQEEPPFVPPPGYIMYTVLPDGSPVPQG
                     VALYAPSPPLPNSSHPLTPGTVVYGPPPAGAPIIYGPPPANFAVPLVPAGVQHCNIPE
                     HHNLENEVSRLEDIMQHLKSKQREERRQKASTQHSEEEVDGLHRDIDDLLQEKKELEL
                     EVEELHRTIERHQQRKDFIDGHVENLMTELEIEKSLKHHEDIVDEIECLEKTLLKRRS
                     ELREADRLLAEAENELACTKEKTKSAVEKFTDAKRNLLQTESDAEALEKRAQETALNL
                     VKAEQQLRLLQADAEDLEQHKIKQEEILKEINKVVAAKDADFQCLNEKKEKLTEELQS
                     LQRDIKAAQHSEDHHLQVLRESETLLQAKRAELETLKSQVTSQQQELAVLDSELGHRR
                     EELLLLQDSLAQAKADLQEALTLGETEVAEKCSHIREVKSLLEELSFQKGELNVHISE
                     KKTQLALIQQEMEKEEKNLQVVLQQLSRHKTELKNVADILQLETSELQGLKLQHDQKV
```

```
                    VELEKAQVDVLEEKLELENLQQATQQQRRELERQRQLLERDRRETERVRAESQALQSC
                    VECLSKEKEDLQGQCESWEKKSSHAQRVLAATEESNKMEQSNLGKLELSVRKLRQELE
                    QLSQDKLALHSEVAEVQQQLQGKQEAINSLQEELDSTQDHLDLAKQDLIHTTKCQNEL
                    LNEQTQLQEDISKWMARLESCQKETETKEQQVQQLQDEIRESKLRLDQQEMMFQKLQK
                    ERERREEQKFEAGKVTLEQQQRQLEKELTDQKSRLKQLLTDVSAAEGRLGTLQEEERRI
                    EGLERMLSQAKQQLSEREQQLMAKSGELLALQKEADDMRADFSLLRNQFLTERKKAEK
                    QVAGLKEALKIQRSQLEKNLLEQKQENSCMQKEMATIELVAQDNHERARRLMKELSQM
                    QQEYLELKKQVANQKDLERRQMEVSDAMRTLKSEVKDEIRTSLRNLNQFLPELPADLA
                    SILERNENLRELESLKENFPFTTKERIFEEKSNFPQVHIMDEHWRGEALRQRLRRHED
                    QLKAQLRHCMSKQAEVLIKGKQQTEGTLHSLRRQVDALGELVTSTSTDSASSPSLPSL
                    VEDSQHGHSQSSFQVLQVPLEEPNSYRH"
        ORIGIN

          Query Match             34.5%;   Score 2410.4;   DB 6;   Length 3974;
          Best Local Similarity   81.4%;   Pred. No. 0;
          Matches 2805;   Conservative    0;   Mismatches  636;   Indels    3;   Gaps    1;

    Qy       3472 AGTTCCCAGGCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTT 3531
                  ||||| |||||||||||||||||||| ||| | ||| || |||||| ||||||||||||||| ||
    Db          1 AGTTCTCAGGCCACCAAGGACTCCGGTTTGGGTCTAAAGTACACAGCCTCAACTCCTCTT 60

    Qy       3532 AGAAAACCACGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCA 3591
                  ||||||||||| |||||| ||||| || | ||||| ||||| ||||| ||||| |||
    Db         61 AGAAAACCACAGCCTGGACAGCAAGAAGAAAAGGACAGCAGTGGACCTCTGCCTGCTTCA 120

    Qy       3592 GGATACTGGGTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGAT 3651
                  || ||||||||| || || |||||||| || | | |||||| ||| ||| ||||||
    Db        121 GGGTACTGGGTCTACTCCCCCATCAGAAGCACGCTGCATAAGTCATTTTCAAAGAGAGAT 180

    Qy       3652 GCAGACAGTGGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCA 3711
                  |||||||||||||||||||||| |||||||| |||| ||||||||||| || |||||||||
    Db        181 GCAGACAGTGGAGGAGATAGCCAGGAAGAAAGTGGACTGGATGACCAGGAGGAACCCCCA 240

    Qy       3712 TTTGTGCCTCCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCC 3771
                  ||||||||||| ||||| |||||| |||||||||| |||| ||||||||||||||||||||
    Db        241 TTTGTGCCTCCCCCTGGGTACATAATGTATACTGTACTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCC 300

    Qy       3772 CAGGGCATGGCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACC 3831
                  ||||| ||||||||||||||||||||| | ||||| ||||| |||| |||| ||||| |||
    Db        301 CAGGGAGTGGCCCTGTATGCACCATCGCCTCCATTGCCCAACAGCAGCCATCCTCTGACC 360

    Qy       3832 CCTGGCACTGTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCA 3891
                  || ||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||| | || || |||||
    Db        361 CCCGGCACTGTGGTTTATGGGCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATCATATACGGACCTCCT 420

    Qy       3892 CCCCCCAACTTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAA 3951
                  || ||||||||| | | ||| | |||| ||||||||| ||||||||| |||| ||
    Db        421 CCTGCCAACTTCGCTGTTCCCCTTGTCCCGCGGGTGTGCAGCATTGCAACATCCCAGAG 480

    Qy       3952 CACCATAACTTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCA 4011
                  ||||||||| |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||| |||||||||
    Db        481 CACCATAACCTAGAGAATGAAGTGTCTAGACTAGAAGACATAATGCAGCACTTAAAATCA 540

    Qy       4012 AAGAAGCGGGAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGAA 4071
                  || ||||||||| || || || ||||||||| || ||| || ||| ||||| ||||
    Db        541 AAACAGCGGGAAGAGCGGCGGCAGAAAGCATCCACGCAGCATTCTGAGGAAGAAGTGGAT 600

    Qy       4072 GAACTGCATCATAATATTGATGATCTTTTGCAAGAGAAGAAAAGCTTAGAGTGTGAAGTA 4131
                  | ||||| | | ||||||||||||| |||||||||||||||||||| ||||| |||||||
    Db        601 GGGCTGCACCGTGATATTGATGACCTTTTGCAAGAGAAGAAAGAATTAGAACTTGAAGTA 660
```

```
Qy    4132  GAAGAATTACATAGAACTGTCCAGAAACGTCAACAGCAAAAGGACTTCATTGATGGAAAT  4191
            |||||||||||||||||| |  ||| || |||||| | ||||||||||||||||||| ||
Db     661  GAAGAATTACATAGAACTATTGAGAGACATCAACAACGAAAGGACTTCATTGATGGACAT  720

Qy    4192  GTTGAGAGTCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAATCACTCAAACATCATGAAGATATT  4251
            |||||||  |||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||| |||||
Db     721  GTTGAGAATCTTATGACTGAACTAGAAATAGAAAAGTCTCTCAAACATCATGAGGATATC  780

Qy    4252  GTAGATGAAATTGAGTGCATTGAGAAGACTCTTCTGAAACGTCGCTCAGAGCTCAGGGAA  4311
            |||||||||||||||||| | ||||| ||||| |||||||||||||| || |||||||||
Db     781  GTAGATGAAATTGAGTGCCTAGAGAAAACTCTCCTGAAACGTCGCTCGGAACTCAGGGAA  840

Qy    4312  GCTGACCGACTCCTGGCAGAGGCTGAGAGTGAACTTTCATGCACTAAAGAAAAGACAAAA  4371
            ||||||||||| ||||| || || || |||| ||| ||| ||||||| || || |||||||
Db     841  GCTGACCGACTTCTGGCGGAAGCCGAGAATGAGCTTGCATGCACCAAGGAGAAGACAAAG  900

Qy    4372  AATGCTGTTGAAAAGTTCACTGATGCCAAGAGAAGTTTATTGCAAACTGAGTCAGATGCT  4431
            | ||||||||||||| |||||||||||||||||||| |||||| ||||| ||||||| |||.
Db     901  AGTGCTGTTGAAAAATTCACTGATGCCAAGAGAAATTTATTACAAACCGAGTCAGACGCT  960

Qy    4432  GAGGAATTAGAAAGGAGAGCTCAGGAAACTGCTGTTAACCTCGTCAAAGCTGATCAGCAG  4491
            |||| | ||||||| |||||| ||||| ||||| ||||| ||||||| || |||||| || ||||||
Db     961  GAGGCACTAGAAAAGAGAGCCCAGGAGACTGCACTTAACCTTGTGAAAGCAGAGCAGCAG  1020

Qy    4492  CTAAGATCGCTCCAGGCTGATGCAAAGGATTTGGAGCAGCACAAAATCAAGCAAGAAGAA  4551
            ||||| | ||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||| ||||||||
Db    1021  CTAAGACTGCTCCAGGCTGATGCAGAGGACTTGGAGCAGCACAAAATCAAACAAGAAGAA  1080

Qy    4552  ATCTTGAAAGAAATAAACAAAATTGTAGCAGCAAAAGACTCAGACTTCCAATGTTTAAGC  4611
            |||||||||||||||||||||| ||||||||| |||| | || |||||| ||| ||| |
Db    1081  ATCTTGAAAGAAATAAACAAAGTTGTAGCAGCCAAAGATGCCGATTTCCAGTGTCTAAAC  1140

Qy    4612  AAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCA  4671
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||| |||||| || ||
Db    1141  GAGAAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAGCTTCAGAGTCTGCAGAGAGACATCAAGGCAGCG  1200

Qy    4672  GAACGCAATGAGGATCACCACCTGCAGGTCCTTAAAGAATCTGAGGTGCTTCTTCAGGCC  4731
            ||| || ||||||||||||||| ||||||||| ||| |||||| || |||||||||||
Db    1201  CAACACAGTGAGGATCACCACCTTCAGGTCCTTAGAGAGTCTGAGACTCTCCTTCAGGCC  1260

Qy    4732  AAAAGAGCCGAGCTGGAAAAGCTGAAAAGCCAGGTGACAAGTCAGCAGCAGGAGATGGCT  4791
            || |||||| |||||||||  ||||||||||||||||||||| ||||||||||| |||||
Db    1261  AAGAGAGCTGAGCTGGAAACACTGAAAAGCCAGGTGACAAGCCAGCAGCAGGAGTTGGCT  1320

Qy    4792  GTCTTGGACAGGCAGTTAGGGCATAAAAAGGAGGAGCTGCATCTACTCCAAGGAAGCATG  4851
            ||| |||||   |||| ||||||| ||||||| || ||||||||||||||||| |  ||| |
Db    1321  GTCCTGGACTCAGAGTTGGGGCATAGAAGGGAGGAGCTGCTTCTACTCCAGGACAGCCTC  1380

Qy    4852  GTCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCTCTGAGACTGGGAGAGACTGAAGTAACTGAG  4911
            | |||||||||||||||||||||||||||| ||||| |||||| ||||| ||||| |||||
Db    1381  GCCCAGGCAAAAGCTGACCTCCAGGAAGCCCTGACACTGGGGGAGACGGAAGTTGCTGAG  1440

Qy    4912  AAGTGCAATCACATTAGGGAAGTAAAATCTTCTGGAAGAACTGAGTTTTCAGAAAGGA  4971
            ||||||| |||||||||||||||||||| |||||||||||||| ||||||||||||||||
Db    1441  AAGTGCAGTCACATTAGGGAAGTAAAATCACTTCTGGAAGAACTAAGTTTTCAGAAAGGA  1500

Qy    4972  GAACTAAATGTTCAGATTAGTGAAAGAAAAACTCAACTTACACTTATAAAGCAGGAAATT  5031
            ||||| |||||| || || ||||||| || |||||| || |||||||| |||||| ||
Db    1501  GAACTGAATGTCCACATCAGTGAAAGAAGACTCAGCTCGCACTTATACAGCAGGAGATG  1560

Qy    5032  GAAAAAGAGGAAGAAAATCTTCAGGTTGTTTTAAGGCAGATGTCTAAACATAAAACCGAA  5091
```

```
                      ||  |||||||||  |  ||||||||||||  ||||||  ||||  ||||  |  |||||| || |||
Db     1561  GAGAAAGAGGAAAAGAATCTTCAGGTGGTTTTACAGCAGCTGTCGAGACATAAGACTGAA  1620

Qy     5092  CTAAAGAATATTCTGGACATGTTGCAACTTGAAAACCATGAGCTACAAGGTTTGAAGCTA  5151
                      ||||||||| ||    |||||   ||||  ||||||||  |    |||||  |||||||  |||||||
Db     1621  CTAAAGAATGTTGCAGACATACTGCAGCTTGAAACCAGCGAGCTCCAAGGTCTGAAGCTC  1680

Qy     5152  CAACATGACCAAAGGGTATCTGAATTAGAGAAGACTCAGGTGGCAGTGCTAGAGGAGAAA  5211
                      ||  |||||||| |  |||     ||  |  |||||| |  |||||||  |||||  |||||||||
Db     1681  CAGCATGACCAGAAGGTGGTGGAGCTGGAGAAGGCGCAGGTGGACGTGCTGGAGGAGAAA  1740

Qy     5212  CTGGAGTTAGAGAATTTGCAGCAGATATCCCAGCAGCAGAAAGGGGAAATAGAGTGGCAG  5271
                      || |||  |  ||||||||||||||||    | |  |||||||||| |  ||||    |||||  |||||
Db     1741  CTAGAGCTGGAGAATTTGCAGCAGGCAACGCAGCAGCAGAGAAGGGAGCTAGAGCGGCAG  1800

Qy     5272  AAGCAGCTCCTTGAGAGGGATAAACGAGAAATAGAACGAATGACTGCTGAGTCCCGAGCT  5331
                      |  ||||||||  |||||  |||||  ||  |    ||  || |  |||  ||| ||  |||  || |||  || |||
Db     1801  AGACAGCTCCTGGAGAGAGACAGGCGGGAGACAGAGCGAGTGAGGGCAGAGAGCCAGGCC  1860

Qy     5332  TTACAATCGTGTGTTGAGTGTTTGAGCAAAGAAAAGGAAGATCTCCAAGAGAAATGTGAC  5391
                      |  ||  ||  ||  ||  ||  ||  |||  ||||  ||||||||||||  |||||||||||  |  || |||
Db     1861  CTGCAGTCCTGCGTCGAATGTCTGAGTAAAGAAAAGGAGGATCTCCAAGGACAGTGCGAG  1920

Qy     5392  ATTTGGGAAAAAAAGTTGGCACAAACCAAAAGGGTTTTAGCAGCAGCAGAAGAAAATAGC  5451
                      |    ||||||||  ||||     |  ||  ||  ||||  |||  |||||||||  |||||||||  | |
Db     1921  AGCTGGGAAAAGAAGTCTTCCCACGCCCAAAGAGTTCTAGCAGCCACAGAAGAAAGCAAC  1980

Qy     5452  AAAATGGAGCAATCAAACTTAGAAAAGTTGGAATTGAATGTCAGAAAACTGCAGCAGGAA  5511
                      |||||||||||  ||  |||  |  |     |||||||||  |||  |||||||||  |||||  ||||||
Db     1981  AAAATGGAGCAGTCCAACCTTGGGAAGTTGGAACTGAGTGTCAGAAAGCTGCGGCAGGAG  2040

Qy     5512  CTAGACCAACTAAACAGAGACAAGTTGTCACTGCATAACGACATTTCAGCAATGCAACAG  5571
                      || ||  ||  ||  |  |||||||  |  || ||  |  ||  |  | |  |||| |||
Db     2041  CTGGAGCAGCTGAGCCAAGACAAGCTTGCCCTACACAGTGAGGTAGCCGAGGTGCAGCAG  2100

Qy     5572  CAGCTCCAAGAAAAACGAGAAGCAGTAAACTCACTGCAGGAGGAACTAGCTAATGTCCAA  5631
                      |||||  ||||  ||||    |||||  |||||||  ||||||| ||||||||||||||  |  ||    ||||
Db     2101  CAGCTACAAGGTAAACAGGAAGCCATAAACTCTCTGCAGGAGGAACTGGATAGCACCCAA  2160

Qy     5632  GACCATTTGAACCTAGCAAAACAGGACCTGCTTCACACCACCAAGCATCAGGATGTGTTG  5691
                      ||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||  | |||||||||||||  |||  |  | ||||
Db     2161  GACCATTTGGACCTAGCAAAGCAGGACCTGATCCACACCACCAAGTGCCAGAACGAGTTG  2220

Qy     5692  CTCAGTGAGCAGACCCGACTCCAGAAGGACATCAGTGAATGGGCAAATAGGTTTGAAGAC  5751
                      ||||  |||||||||| |   || |||  |||||||||||||  |||||       |||||  ||  |
Db     2221  CTCAATGAGCAGACGCAGCTGCAGGAGGACATCAGCAAATGGATGGCCAGGTTAGAGAGC  2280

Qy     5752  TGTCAGAAAGAAGAGGAGACAAAACAACAACAACTTCAAGTGCTTCAGAATGAGATTGAA  5811
                      ||  |||||||||    |||||||||  |||| ||| |  ||    ||| ||| |||||||  |
Db     2281  TGCCAGAAAGAGACGGAGACAAAGGAACAGCAAGTCCAGCAGCTCCAGGATGAGATCAGA  2340

Qy     5812  GAAAACAAGCTCAAACTAGTCCAACAAGAAATGATGTTTCAGAGACTCCAGAAAGAGAGA  5871
                      || |  |||||||||    |||  | ||| || || ||||||||||||| |  |||||||||||| |||
Db     2341  GAGAGCAAGCTCCGGCTGGACCAGCAGGAGATGATGTTTCAAAAACTCCAGAAAGAAAGA  2400

Qy     5872  GAAAGTGAAGAAAGCAAATTAGAAACCAGTAAAGTGACACTGAAGGAGCAACAGCACCAG  5931
                      ||| ||||  ||     |  | ||  |    ||||||||||| ||| ||  ||||| |||     |||
Db     2401  GAACGTGAGGAGCAGAAGTTCGAGGCTGGTAAAGTGACGCTGGAGCAGCAGCAGAGGCAG  2460

Qy     5932  CTGGAAAAGGAATTAACAGACCAGAAAAGCAAACTGGACCAAGTGCTCTCAAAGGTGCTG  5991
                      ||||| ||||||  | |  ||||||||||||||||  |||  |  |  ||||| ||  |  |||  |
```

```
Db    2461 CTGGAGAAGGAGCTGACGGACCAGAAAAGCAGGCTGAAGCAGCTGCTCACAGACGTGTCG 2520

Qy    5992 GCAGCTGAAGAGCGTGTTAGGACTCTGCAGGAAGAGGAGAGGTGGTGTGAGAGCCTGGAG 6051
           ||||||||||  ||  |   | ||  ||||||||||||||||  ||  |    |||| ||||||||
Db    2521 GCAGCTGAAGGACGCCTGGGAACCCTGCAGGAAGAGGAGCGGCGCATTGAGGGCCTGGAG 2580

Qy    6052 AAGACACTCTCCCAAACTAAACGGCAGCTTTCAGAAAGGGAGCAGCAATTGGTGGAGAAA 6111
             | ||   ||  |||||   |  ||||  ||||||||||||||||  |||||||||  |   ||| ||
Db    2581 AGGATGCTGTCCCAGGCCAAACAGCAGCTTTCAGAACGGGAGCAGCAGCTAATGGCCAAG 2640

Qy    6112 TCAGGTGAGCTGTTGGCCCTCCAGAAAGAGGCAGATTCTATGAGGGCAGACTTCAGCCTT 6171
           ||||||||||||| ||||||| |||||||||||| ||   |||||||||| |||||||||||
Db    2641 TCAGGTGAGCTGCTGGCCCTGCAGAAAGAGGCTGACGATATGAGGGCCGACTTCAGCCTC 2700

Qy    6172 CTGCGGAACCAGTTCTTGACAGAAAGAAAGAAAGCTGAGAAGCAGGTGGCCAGCCTGAAG 6231
           |||  |||||||||||| |||||||| ||||||| |||||  || ||||||||||||||| | || |||
Db    2701 CTGAGGAACCAGTTCTTAACAGAAAGGAAGAAGGCAGAGAAGCAGGTGGCCGGGCTAAAG 2760

Qy    6232 GAAGCACTTAAGATCCAGCGGAGCCAGCTGGAGAAAAACCTTCTTGAGCAAAAACAGGAG 6291
           |||||||||  |||||||||| |||| || ||||||||||||||| || ||||| || |||||||
Db    2761 GAAGCACTGAAGATCCAGCGCAGTCAGCTGGAGAAAAACCTCCTGGAGCAGAAGCAGGAG 2820

Qy    6292 AACAGCTGCATACAAAAGGAAATGGCAACAATTGAACTGGTAGCCCAGGACAACCATGAG 6351
           |||||||||||  |||||||||||||||  |||||||| ||||||| |||||  |||||||||||||  |||
Db    2821 AACAGCTGCATGCAAAAGGAAATGGCTACAATTGAGCTGGTGGCCCAGGACAACCACGAG 2880

Qy    6352 CGGGCCAGGCGCCTGATGAAGGAGCTCAACCAGATGCAGTATGAGTACACGGAGCTCAAG 6411
           |||||||||||||| ||||||||||||| | |||||||||| | |||||| ||| ||||||
Db    2881 AGGGCCAGGCGCCTCATGAAGGAGCTGAGCCAGATGCAGCAGGAGTACCTGGAACTCAAG 2940

Qy    6412 AAACAGATGGCAAACCAAAAAGATTTGGAGAGAAGACAAATGGAAATCAGTGATGCAATG 6471
           ||||||  |  |||||||| |||||||||||| |||  || ||||| |||||||| |||||||
Db    2941 AAACAGGTAGCAAACCAGAAAGACTTGGAGAGGAGGCAGATGGAGGTCAGTGACGCAATG 3000

Qy    6472 AGGACACTTAAATCTGAGGTGAAGGATGAAATCAGAACCAGCTTGAAGAATCTTAATCAG 6531
           |||||  ||| || || || ||||||||| ||  ||||||||||||||| ||| ||| || || |||
Db    3001 AGGACGCTGAAGTCGGAGGTGAAAGACGAAATCAGAACCAGTCTGAGGAACCTCAACCAG 3060

Qy    6532 TTTCTTCCAGAACTACCAGCAGATCTAGAAGCTATTTTGGAAAGAAACGAAAACCTAGAA 6591
           || |||||||||||| ||||||||||||| ||  |||||||||||||  ||||||| |    |
Db    3061 TTCCTTCCAGAACTTCCAGCAGATCTAGCGTCTATTTTGGAAAGAAATGAAAACTT---A 3117

Qy    6592 GGAGAATTGGAAAGCTTGAAAGAGAACCTTCCATTTACCATGAATGAGGGACCTTTTGAA 6651
           |||| |||||||||||||||||||||||| | || ||||||| || ||| |   |||||||
Db    3118 AGAGAGTTGGAAAGCTTGAAAGAGAACTTCCCGTTTACCACAAAAGAGAGGATTTTTGAA 3177

Qy    6652 GAAAAACTGAACTTTTCCCAAGTTCACATAATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTC 6711
           ||||||     ||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3178 GAAAAATCCAACTTTCCCCAAGTTCACATCATGGATGAACACTGGCGTGGAGAAGCACTC 3237

Qy    6712 CGGGAGAAACTGCGTCACCGGGAAGACCGACTCAAGGCCCAACTCCGACACTGTATGTCC 6771
           ||   | |   |||||| | ||  ||||| | ||||||||| ||||| |||||||||||||||||
Db    3238 CGTCAAGGCTGCGCCGCCATGAAGATCAACTCAAGGCTCAACTTCGACACTGTATGTCT 3297

Qy    6772 AAGCAAGCAGAAGTATTAATTAAAGGAAAGCGGCAGACAGAGGGCACTTTACACAGTTTG 6831
           |||||||||||||||||| || ||||||||| |||||||||||||||    ||||||| ||
Db    3298 AAGCAAGCAGAAGTATTGATCAAAGGAAAGCAGCAGACAGAGGGCACCCTACACAGTCTG 3357

Qy    6832 AGGAGACAAGTAGATGCTTTAGGGGAATTGGTCACCAGCACCTCTGCAGATTCAGCGTCA 6891
           |||||||||| |||||||||||| ||| ||||||| |||| ||||| |||| |||| |||
Db    3358 AGGAGACAAGTTGATGCTTTAGGAGAACTGGTCACTAGTACCTCCACAGACTCAGCATCA 3417
```

```
Qy        6892 TCACCCAGTCTGTCTCAGCTGGAG 6915
               ||||||||||||| ||   || | |
Db        3418 TCACCCAGTCTGCCTTCCCTTGTG 3441
```

```
RESULT 14
AR717552
LOCUS      . AR717552                    2631 bp    DNA       linear    PAT 07-OCT-2005
DEFINITION  Sequence 52 from patent US 6943241.
ACCESSION   AR717552
VERSION     AR717552.1  GI:77366506
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2631)
  AUTHORS   Isogai,T., Sugiyama,T., Otsuki,T., Wakamatsu,A., Sato,H., Ishii,S.,
            Yamamoto,J.-i., Isono,Y., Hio,Y., Otsuka,K., Nagai,K., Irie,R.,
            Tamechika,I., Seki,N., Yoshikawa,T., Otsuka,M., Nagahari,K. and
            Masuho,Y.
  TITLE     Full-length cDNA
  JOURNAL   Patent: US 6943241-A 52 13-SEP-2005;
            Research Association for Biotechnology; Tokyo;
            WOX;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .2631
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

   Query Match            34.4%;   Score 2403.2;  DB 2;   Length 2631;
   Best Local Similarity  98.5%;   Pred. No. 0;
   Matches 2446;  Conservative    0;  Mismatches    8;  Indels    28;  Gaps    1;

Qy         1649 ATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 1708
                | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          150 AGTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 209

Qy         1709 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 1768
                ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db          210 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGAGGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 269

Qy         1769 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 1828
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          270 AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC 329

Qy         1829 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 1888
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          330 TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG 389

Qy         1889 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 1948
                |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db          390 GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCGGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT 449

Qy         1949 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 2008
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          450 TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG 509

Qy         2009 CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG 2068
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      510  CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG  569

Qy     2069  TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG  2128
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      570  TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG  629

Qy     2129  CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA  2188
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      630  CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA  689

Qy     2189  CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG  2248
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      690  CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG  749

Qy     2249  CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG  2308
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      750  CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG  809

Qy     2309  AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA  2368
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      810  AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA  869

Qy     2369  AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG  2428
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      870  AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG  929

Qy     2429  CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC  2488
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      930  CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC  989

Qy     2489  ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAA  2548
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db      990  ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTGCAGAAACAATTCAGTGAAA  1049

Qy     2549  TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG  2608
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1050  TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG  1109

Qy     2609  AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT  2668
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1110  AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT  1169

Qy     2669  GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGA------------------------ATGAATTTT  2700
             ||||||||||||||||||||||||                       |||||||||
Db     1170  GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAGTAAGACAAGGGCAAGAGGCACCTGGAGATGAATTTT  1229

Qy     2701  GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA  2760
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1230  GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA  1289

Qy     2761  GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT  2820
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1290  GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT  1349

Qy     2821  GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT  2880
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1350  GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT  1409

Qy     2881  GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG  2940
             ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1410  GAAGATGCCAAATCTCAGGGGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG  1469
```

```
Qy   2941 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1470 AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG 1529

Qy   3001 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1530 CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG 1589

Qy   3061 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1590 GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA 1649

Qy   3121 GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1650 GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG 1709

Qy   3181 ATGGAGAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 3240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1710 ATGGAGAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG 1769

Qy   3241 AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 3300
          |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db   1770 AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGGTTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC 1829

Qy   3301 ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1830 ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA 1889

Qy   3361 CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 3420
          ||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1890 CGCGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA 1949

Qy   3421 GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1950 GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG 2009

Qy   3481 GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2010 GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA 2069

Qy   3541 CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 3600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2070 CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 2129

Qy   3601 GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2130 GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 2189

Qy   3661 GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2190 GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 2249

Qy   3721 CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2250 CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 2309

Qy   3781 GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2310 ACCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 2369
```

```
Qy      3841 GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 3900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2370 GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 2429

Qy      3901 TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 3960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2430 TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 2489

Qy      3961 TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2490 TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 2549

Qy      4021 GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2550 GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 2609

Qy      4081 CATAATATTGATGATCTTTTGC 4102
             ||||||||||||||||||||||
Db      2610 CATAATATTGATGATCTTTTGC 2631
```

```
RESULT 15
AX746527
LOCUS       AX746527                2631 bp    mRNA       linear    PAT 20-JUN-2003
DEFINITION  Sequence 52 from Patent EP1308459.
ACCESSION   AX746527
VERSION     AX746527.1  GI:32130794
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Isogai,T., Sugiyama,T., Otsuki,T., Wakamatsu,A., Sato,H., Ishii,S.,
            Yamamoto,J.I., Isono,Y., Hio,Y., Otsuka,K., Nagai,K., Irie,R.,
            Tamechika,I., Seki,N., Yoshikawa,T., Otsuka,M., Nagahari,K. and
            Masuho,Y.
  TITLE     Full-length cDNA sequences
  JOURNAL   Patent: EP 1308459-A 52 07-MAY-2003;
            Helix Research Institute (JP) ; Research Association for
            Biotechnology (JP)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .2631
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

  Query Match            34.4%;   Score 2403.2;  DB 2;   Length 2631;
  Best Local Similarity  98.5%;   Pred. No. 0;
  Matches 2446;  Conservative    0;  Mismatches    8;  Indels   28;  Gaps    1;

Qy      1649 ATTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 1708
             |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       150 AGTCCCATATGAAGGCTCAAAAGAGCGGTAAAGAACAACAGCTTGACATTATGAACAAGC 209

Qy      1709 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGATGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 1768
             |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db       210 AGTACCAACAACTTGAAAGTCGTTTGGAGGAGATACTTTCTAGAATTGCTAAGGAAACGG 269
```

```
Qy    1769  AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC  1828
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     270  AAGAGATTAAGGACCTTGAAGAACAGCTTACTGAAGGCCAGATAGCAGCAAATGAAGCCC   329

Qy    1829  TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG  1888
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     330  TGAAGAAGGATTTAGAAGGTGTTATCAGTGGGTTGCAAGAATACCTGGGGACCATTAAAG   389

Qy    1889  GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCAGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT  1948
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db     390  GCCAGGCAACTCAGGCCCAGAATGAGTGCGGGAAGCTGCGGGATGAGAAAGAGACATTGT   449

Qy    1949  TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG  2008
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     450  TGCAGAGATTGACAGAAGTCGAGCAGGAGAGAGACCAGCTGGAAATAGTTGCCATGGATG   509

Qy    2009  CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG  2068
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     510  CAGAAAATATGAGGAAGGAGCTTGCAGAGCTAGAAAGTGCCCTCCAAGAGCAGCATGAGG   569

Qy    2069  TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG  2128
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     570  TGAATGCATCTTTGCAGCAGACCCAGGGAGATCTCAGTGCCTATGAAGCTGAGCTAGAGG   629

Qy    2129  CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA  2188
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     630  CTCGGCTAAACCTAAGGGATGCTGAAGCCAACCAGCTCAAGGAAGAGTTGGAAAAAGTAA   689

Qy    2189  CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG  2248
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     690  CAAGACTTACCCAGTTAGAACAATCAGCCCTTCAAGCAGAACTTGAGAAGGAAAGGCAAG   749

Qy    2249  CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG  2308
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     750  CCCTCAAGAATGCCCTTGGAAAAGCCCAGTTCTCAGAAGAAAAGGAGCAAGAGAACAGTG   809

Qy    2309  AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA  2368
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     810  AGCTCCATGCAAAACTTAAACACTTGCAGGATGACAATAATCTGTTAAAACAGCAACTTA   869

Qy    2369  AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG  2428
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     870  AAGATTTCCAGAATCACCTTAACCATGTGGTTGATGGTTTGGTTCGTCCAGAAGAAGTGG   929

Qy    2429  CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC  2488
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     930  CAGCTCGTGTGGATGAGCTAAGAAGAAAACTGAAATTAGGAACTGGGGAAATGAACATCC   989

Qy    2489  ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTACAGAAACAATTCAGTGAAA  2548
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db     990  ATAGTCCTTCAGATGTCTTAGGGAAAAGTCTTGCTGATTTGCAGAAACAATTCAGTGAAA  1049

Qy    2549  TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG  2608
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1050  TTCTTGCACGCTCCAAGTGGGAAAGAGATGAAGCACAAGTTAGAGAGAGAAAACTCCAAG  1109

Qy    2609  AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT  2668
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1110  AAGAAATGGCTCTGCAGCAAGAGAAACTGGCAACTGGACAAGAAGAGTTCAGGCAGGCCT  1169

Qy    2669  GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGA-------------------------ATGAATTTT  2700
```

```
                     |||||||||||||||||||||||                      |||||||||||
Db    1170  GTGAGAGAGCCCTGGAAGCAAGAGTAAGACAAGGGCAAGAGGCACCTGGAGATGAATTTT  1229

Qy    2701  GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA  2760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1230  GATAAGAGGCAACATGAAGCAAGAATCCAGCAAATGGAGAATGAAATTCACTATTTGCAA  1289

Qy    2761  GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT  2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1290  GAAAATCTAAAAAGTATGGAGGAAATCCAAGGCCTTACAGATCTCCAACTTCAGGAAGCT  1349

Qy    2821  GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT  2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1350  GATGAAGAGAAGGAGAGAATTCTGGCCCAACTCCGAGAGTTAGAGAAAAAGAAGAAACTT  1409

Qy    2881  GAAGATGCCAAATCTCAGGAGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG  2940
            ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1410  GAAGATGCCAAATCTCAGGGGCAAGTTTTTGGTTTAGATAAAGAACTGAAGAAACTAAAG  1469

Qy    2941  AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG  3000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1470  AAAGCCGTGGCCACCTCTGATAAGCTAGCCACAGCTGAGCTCACCATTGCCAAAGACCAG  1529

Qy    3001  CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG  3060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1530  CTGAAGTCCCTTCATGGAACTGTTATGAAAATTAACCAGGAGCGAGCAGAGGAGTTGCAG  1589

Qy    3061  GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA  3120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1590  GAAGCAGAGAGGTTCAGCAGAAAGGCAGCACAAGCAGCCAGAGATCTCACCCGAGCAGAA  1649

Qy    3121  GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG  3180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1650  GCTGAGATCGAACTCCTGCAGAATCTCCTCAGGCAGAAGGGGGAGCAGTTTCGACTTGAG  1709

Qy    3181  ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG  3240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1710  ATGGAGAAAACAGGTGTAGGTACTGGAGCAAACTCACAGGTCCTAGAAATTGAGAAACTG  1769

Qy    3241  AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGATTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC  3300
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db    1770  AATGAGACAATGGAACGACAAAGGACAGAGGTTGCAAGGCTGCAGAATGTACTAGACCTC  1829

Qy    3301  ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA  3360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1830  ACTGGAAGTGACAACAAAGGAGGCTTTGAAAATGTTTTAGAAGAAATTGCTGAACTTCGA  1889

Qy    3361  CGTGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA  3420
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1890  CGCGAAGTTTCTTATCAGAATGATTACATAAGCAGCATGGCAGATCCTTTCAAAAGACGA  1949

Qy    3421  GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG  3480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1950  GGCTATTGGTACTTTATGCCACCACCACCATCATCAAAAGTTTCCAGCCATAGTTCCCAG  2009

Qy    3481  GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA  3540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2010  GCCACCAAGGACTCTGGTGTTGGCCTTAAGTACTCAGCCTCAACTCCTGTTAGAAAACCA  2069

Qy    3541  CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG  3600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        2070  CGCCCTGGGCAGCAGGATGGGAAGGAAGGCAGTCAACCTCCCCCTGCCTCAGGATACTGG 2129

Qy        3601  GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 3660
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2130  GTTTATTCTCCCATCAGGAGTGGGTTACATAAACTGTTTCCAAGTAGAGATGCAGACAGT 2189

Qy        3661  GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 3720
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2190  GGAGGAGATAGTCAGGAAGAGAGTGAGCTGGATGACCAAGAAGAACCCCCATTTGTGCCT 2249

Qy        3721  CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 3780
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2250  CCTCCTGGATACATGATGTATACTGTGCTTCCTGATGGTTCTCCTGTACCCCAGGGCATG 2309

Qy        3781  GCCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 3840
                ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db        2310  ACCCTGTATGCACCACCTCCTCCCTTGCCAAACAATAGCCGACCTCTCACCCCTGGCACT 2369

Qy        3841  GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 3900
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2370  GTTGTTTATGGCCCACCTCCTGCTGGGGCCCCCATGGTGTATGGGCCTCCACCCCCCAAC 2429

Qy        3901  TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 3960
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2430  TTCTCCATCCCCTTCATCCCTATGGGTGTGCTGCATTGCAACGTCCCTGAACACCATAAC 2489

Qy        3961  TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 4020
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2490  TTAGAGAATGAAGTTTCTAGATTAGAAGACATAATGCAGCATTTAAAATCAAAGAAGCGG 2549

Qy        4021  GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 4080
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2550  GAAGAAAGGTGGATGAGAGCATCCAAGCGGCAGTCGGAGAAAGAAATGGAAGAACTGCAT 2609

Qy        4081  CATAATATTGATGATCTTTTGC 4102
                ||||||||||||||||||||||
Db        2610  CATAATATTGATGATCTTTTGC 2631
```

Search completed: August 15, 2006, 18:08:42
Job time : 62248 secs

SCORE 1.3   BuildDate: 12/06/2005